

مقدمة في

وراثة العشائر والوراثة الكمية

أستاذ دكتور

هاشم أحمد حسين

أستاذ الوراثة

كلية الزراعة - جامعة القاهرة

فبراير ٢٠٠٢

PROF. DR. H. A. S. HUSSEIM
FAC. AGRIC UNIV CAIRO
GIZA - EGYPT

محتويات الكتاب

الموضوع	الصفحة
مقدمة المؤلف	١
(الجزء الأول : وراثية العشائر)	
الباب الأول : الجينات فى العشائر —————	١
الباب الثانى : قانون هاردى - فاينبيرج —————	١١
الباب الثالث : قوى التطور ودورها فى تغيير الاتزان	
الوراثى فى العشائر —————	٨٧
الباب الرابع : تعدد المظاهر الوراثى والنشوء	
والتطور الجزئى —————	١١٥
(الجزء الثانى : الوراثة الكمية)	
الباب الخامس : الوراثة الكمية (مقدمة)	١٣٥
الباب السادس : مكونات التباين المظهرى	١٥٠
الباب السابع : المكافىء الوراثى وطرق الانتخاب	
للمصفات الكمية	١٨٣
المراجع:	٢١٥

" بسم الله الرحمن الرحيم "

مقدمة المؤلف

تفتقر المكتبة العربية إلى الكثير من المراجع في مجالات مختلفة من العلوم الحديثة . وبالرغم من حركة الترجمة النشطة - من اللغات المختلفة إلى العربية في الحقبة الأخيرة إلا أن كثيرا من العلوم البيولوجية ، ومن بينها علوم الوراثة ، لم تتل قسطا كافيا من الاهتمام . ونظرا لأهمية وراثية العشائر والوراثة الكمية ففى مجالات التحسين الوراثى للنبات والحيوان ، بل وتحسين الجنس البشرى ، فقد رأيت من واجبى أن أحاول تقديم هذا الفرع من علوم الوراثة فى صورة مقدمة لطلاب كليات الزراعة والطب البيطرى والطب البشرى ، وأيضا للمستغنيين بعلوم تربية الحيوان والنبات .

إن الكمال لله وحده ، لذلك فأننى أرحب بكل نقدٍ بَنَاءٍ لهذه الطبعة الأولى ، راجيا من كل من له أبة ملاحظات أن يعرضها علىَّ عسى أن تعيننى ففى فى تحسين الطبعة التالية .

والله ولى التوفيق

دكتور / هاشم أحمد حسين

مارس ١٩٨٨

تحذير: لا يجوز نقل أو تصوير أو اقتباس أو تخزين هذا الكتاب أو أى جزء منه بدون إذن كتابى موقَّع عليه من المؤلف ، ومن يخالف ذلك يتعرض للمساءلة القانونية .

PROF. DR. H. A. S. HUSSEIN
FAC. AGRIC UNIV CAIRO
GIZA - EGYPT

رقم الإيداع بدار الكتب: ١٩٩٠ / ٣٢٩٢

حقوق الطبع والنشر محفوظة للمؤلف

الجزء الأول
وراية المسائر

الباب الاول

الجينات فى العشائر

Genes in Populations

مقدمة :

نشأ علم وراثة العشائر - كأحد فروع علم الوراثة فى الثلث الاول من القرن العشرين . وبالرغم من نشأته الحديثة نسبيا ألا أنه نما بسرعة وأصبح له نظرياته وقوانينه وقواعده الراسخة . ومعتبر هذا العلم من أهم علوم الوراثة التى لها مجالات تطبيقية واسعة فى تربية النبات والحيوان ، وقد امتد ليشمل السلوك الوراثى فى العشائر الادمية ، كما أنه يرتبط ارتباطا مباشرا بعلوم التطور ونشأة الانواع . والدارس لهذا العلم يجب أن يكون ملما بمبادئ علم الاحصاء البيولوجى . ولا يمكن لأى مرسى نبات أو مرسى حيوان أو أخصائى لتحسين الجنس البشرى أن يدرس سلوك الصفات القياسية Metric characters (الكمية Quantitative) ما لم يكن ملما بدرجة كافية بأسس وقواعد هذا الفرع من علوم الوراثة . ومع التقدم الحديث فى البيولوجيا الجزيئية ، امتد هذا العلم ليشمل التطور الجزيئى الذى يبحث فى تفهم العلاقات التطورية بين المجموعات التقسيمية من الكائنات الحية المختلفة ، عن طريق مقارنة تراكيب كروموسوماتها وجيناتها ونواتج هذه الجينات ، بهدف توضيح تطور الأطقم الجينية الحديثة من خلال الاطقم الجينية البدائية ، حيث أن ذلك قد يفيد فى التطعيم الجينى بين الكائنات بدائيات النوى والكائنات مميزات النوى ، وهو ما يعرف حديثا بتكنولوجيا الهندسة الوراثية .

وسوف نتناول في هذا الكتاب سلوك الجينات في العشائر المختلفة وما يطرأ عليها من تغيرات عبر الأجيال المختلفة ، ثم بعد ذلك سنتناول سلوك الجينات التي تحكم الصفات الكمية وكيفية توارثها وتحليلها .

الجينات في العشائر : Genes in populations

بينت الدراسات الوراثية التقليدية أن الجينات التي تحكم صفات بعض الأفراد أو العائلات تسلك سلوكاً مندلياً ، كما أن القواعد التي وضعها مندل وغيره من علماء الوراثة تَكُنّ من التنبؤ بسلوك الصفات التي تحطمها الأفراد الناتجة عن تزاوج أبوين ، وذلك عبر الأجيال المتعاقبة . ونسب الكائنات التي أمكن دراستها وراثياً باستقاضه كالدروسوفلا والذرة وغيرها ، أصبح في الامكان الحصول منها على سلالات بها صفات مندلية حسب رغبة الباحث .

الا أن المسألة تزداد تعقيداً اذا انتقلنا من الوراثة الجزيئية أو الوراثة على المستوى الكروموسومي الى مجال الوراثة على مستوى العشيرة population فمثلاً يمكن التساؤل :

(١) ما هو تأثير الطفرات التي تنشأ في عشيرة ما - خلال الأجيال المتعاقبة نتيجة للتعرض للإشعاعات النووية أو غيرها من المطفرات أو الملوثات البيئية ؟

(٢) هل تبقى التكرارات النسبية لطُرُز الدم في عشيرة ما (كمنطقة القاهرة - أو - المنيا ، أو على مستوى المجتمع المصري) على ما هي عليه خلال عدة أجيال ؟ أم هل يحدث تغير من جيل لآخر ؟ ولو حدث هذا

التغير ، فما هي الأسباب التي أدت الى ذلك ؟

(٣) كما قد يتطلب الأمر معرفة ما اذا كانت الطفرات المستحدثة
أو الجينات الخاصة بصفة معينة تصبح بمرور الزمن أقل أو أكثر تكرارا ،
أم تحتفظ العشيرة بتكرارها ثابتا دون تغير ؟

(٤) كما قد يرغب المرء استنباط طرق وأساليب لتخليص عشيرة ما من
الجينات الضارة ، أو زيادة تكرار الجينات المفيدة في العشيرة على
حساب جينات ضارة أو أقل فائدة - كل هذه التساؤلات والمشاكل
تجد حلولها العملية من خلال علم وراثـة العشائر . واتباع أساليب
الوراثة التقليدية أو المندلية البسيطة لا يُمْكِن من الاجابة على مثل
هذه التساؤلات . وعلاوة على ما سبق فإن علم وراثـة العشائر
يجعل على استيضاح كيفية حدوث التطور العضوي Organic evolution
كما سيوضح ذلك فيما بعد . ولمعرفة مصير الجينات خلال الأجيال
المتعاقبة ، يتطلب الأمر أن نعرف الكثير من عشائر الكائنات الحيـة
وكذلك عن الافراد داخل هذه العشائر ، حيث أنمن خلال أفراد
العشيرة يمكن أن يتقرر مصير كثير من الجينات . فمثلا القدرة التناسلية
reproductive ability (أو نسبة الخصوبة fertility ratio)

لأفراد حاملين لجين معين قد تُخَلَّ بالخصائص التالية للعشيرة :

- ١ - تكرار هذا الجين في العشيرة .
- ٢ - حجم العشيرة .
- ٣ - الأظم الجينية genomes للأفراد الآخرين في العشيرة .
- ٤ - العوامل الأخرى التي قد تشمل العلاقة بين العشيرة ومختلف الظروف البيئية المحيطة بها وضمنها العشائر الأخرى .

وعلاوة على ذلك ، تستمر الحياة وتتطور من خلال الزمان والمكان .
 ولعب الكائن بفردية - من خلال هذين البعدين دورا محدودا ، لكن
 العشيرة ككل هي العامل الحاسم في توزيع الكائنات خلال المناطق
 الجغرافية المختلفة ، وفي قدرة هذه الكائنات على الاستمرارية خلال
 الأزمان المختلفة . ومن ثم ، فبالرغم من تواجد الجينات داخل خلايا
 الافراد ، فإن مصير هؤلاء الافراد وبالتالي مصير جيناتهم مرتبط ارتباطا
 وثيقا بخصائص العشيرة ككل .

وهناك بعض الاتجاهات يجب أن تؤخذ في الاعتبار عند الانتقال من
 دراسة الوراثة على مستوى الفرد أو العائلة أو الجين ... إلخ ، إلى دراسة
 الوراثة على مستوى العشيرة ، ويمكن تلخيص هذه الاتجاهات فيما يلي :

- (١) يجب أن يتحول التركيز من الفرد ، زوج القواعد ، الجين الموقع
 أو السلالة إلى مجموعة كبيرة من الافراد - أي العشيرة Population .
- (٢) يجب أن يركز الاهتمام على التباين Variation فبينما يبحث دأرس
 الوراثة الجزيئية أو الجينية أو الكروموسومية عن تحليل مجال التباين -
 باستعمال السلالات النقية Pure lines ، أو الجينات الثابتة
 والانظمة الانزيمية المتجانسة - فإن الدأرس لوراثة العشائر ينصب
 اهتمامه الاساسي في الاختلافات - في كمية التباين داخل العشيرة
 وفي الطريقة التي تتغير بها الجينات أثناء مراحل التطور المختلفة ،
 حيث أن بعض الظواهر التي قد يهتم بها الدأرس لوراثة العشائر ربما
 قد تحتاج إلى آلاف أو ملايين السنين لكي تحدث .

وهو جد ثلاثة مجالات من الدراسة في علم وراثة العشائر ، يمكن تلخيصها
 فيما يلي :

(١) تعدد المظاهر Polymorphism :

ربما تكون أبرز خصائص أى عشيرة طبيعية Natural populations هو تباينها . ويتضح هذا التباين اذا أخذنا فى الاعتبار - مثلا الجنس البشرى - لاننا تعودنا على الاحساس بالاختلافات فى الصفات الادمية : كمظهر الانسان ، شخصيته وجنسه وسلوكه وغير ذلك من الصفات الادمية الاخرى .

وربما يكون الامر اقل وضوحا إذا أخذنا عشيرة من الذباب أو من الفئران أو غيرها ، إلا أن التباين موجود بالرغم من ذلك . ومن الناحية الوراثية يقال أن العشيرة الطبيعية متعددة المظاهر Polymorphic . وفى عام ١٩٦٦ قام ليونتين Lewontin وهابى Hubby بدراسة أول تحليل شامل لتعدد مظاهر البروتين فى العشائر الطبيعية للدروسوفلا سيد وأيسكهورا *Drosophila pseudoobscura* وذلك باستعمال طريقة التثبيت الكهربى فى الجل للبروتين Gel-Electrophoresis ، واستطاعوا أن يميزوا أنواعا مختلفة من البروتينات Proteins تختلف من فرد لآخر داخل العشيرة .

وقد أعطت الدراسات التى تلت ذلك فى عشائر أخرى متباينة كالانسان والفئران والشوفان البرى والشعير البرى نفس النتائج : وهى وجود كثرة فى تعدد مظاهر البروتين polymorphism عند ما يبحث عنها . يشير تعدد مظاهر البروتين الموجود فى عشيرة ما لوجود الإللمية Allelism داخل العشيرة . وقدّر أن حوالى ٢٠ إلى ٥٠% من جميع مواقع الجينات

التركيبية St. genes الموجودة في نوع ما من الكائنات توجد في صور
أيلية من اثنين أو أكثر من الأليلات في أي عشيرة . إن اكتشاف التباين
في جين ما وعلى مستوى البروتين قد شجع على البحث فيما يسبب استمرارية
تعدد المظاهر في عشيرة ما .

(٢) التطور Evolution :

وصف ليفونت Lewontin التطور بأنه عملية تحول التباين داخل
عشيرة ما إلى تباين في عشائر مختلفة في المكان (نشأة وتنوع السلالة) ،
والزمان (تطور السلالة) . لذلك فإن وجود تعدد المظاهر وحدوث
التطور ظاهرتان شديدتا التلازم . وتعتبر نظرية داروين - والاس (١٨٥٨)
من الانتخاب الطبيعي Natural Selection أكثر النظريات بروزاً بالنسبة
للقوة الدافعة لعملية التطور البيولوجي . وتنص هذه النظرية على :
" أنه طالما تنشأ متغيرات وراثية Genetic variants داخل عشيرة ما ، فإن
الأصلح سيكون ذا ميزة انتخابية ، وسيكون له فرصة أفضل لكي يَكُون
نسلاً عن بقية أفراد العشيرة وحيث أن الأصلح يستمر في التمتع بقابلية
أكثر للحياة والتكاثر ، فبالناكيد سننتج أنواع جديدة بواسطة التطور ."
وتوجد قوى دافعة أخرى خلاف الانتخاب الطبيعي يعتقد أنها تقف
وراء الظواهر التطورية ، إلا أن الاهتمام الأكبر موجه ناحية الانتخاب
الطبيعي .

(٣) نظرية وراثة العشائر Population Genetics Theory :

يوجد مجال بحث رئيسي آخر في مجال وراثة العشائر ، ألا وهو ابتكار النظرية الكمية لتوضيح القوانين التي تحكم العشائر الطبيعية وحركتها . وعند وضع هذه النظرية ، لا بد أنها تطبق بدقة على العشائر الموجودة لكي نتنبأ ، على سبيل المثال ، بمراحلها التطورية ، أو استجاباتها لمغيرات معينة في البيئة . وتُشتق النظرية الحالية من مصادر عدة ، وربما معظم الناحية الأساسية فيها من أعمال فيشر R.A. Fisher وهالدين J.P.Haldane وسيوال رايت S.Wright . وهذه النظرية مازالت بعيدة عن المرحلة التي يمكن فيها استعمالها لعمل تنبؤات تفصيلية عن العشائر المركبة ، إلا أنها تخدم كدالة Function هامة حتى في أثناء تطورها ، فبمجرد أن تتكون أفكار نظرية جديدة ، فإنها تقترح طرقاً تجريبية جديدة لدراسة العشائر الطبيعية . والمعلومات الجديدة الناشئة من مثل هذه الدراسات تقترح بدورها تحجرات في النظرية . ومعنى آخر ، تكون النظرية والتجربة متلازمتين بشدة في وراثة العشائر ، وغالباً أكثر وضوحاً عما في الوراثة الجزيئية والكروموسومية .

تعريف العشيرة Population :

يقصد بالعشيرة Population أى تجمع لكائنات حية - لذلك يمكن إطلاق لفظ عشيرة على مجموعة من الأشجار تنمو معا في غابة أو على مجموعة من الأسماك تعيش في بحيرة أو مجموعة من ذباب الدروسوفلا تعيش في منطقة معينة . . . الخ . ويهتم علم وراثة العشائر بدراسة الجينات في مختلف عشائر الكائنات الحية .

العشيرة المندلية Mendelian Population :

العشائر المندلية هي العشائر التي تتكون من افراد تتزاوج فيما بينها تزاوجا جنسيا عشوائيا Random mating ، أى أن فرصة التزاوج بين أى فرد وآخر تكون متساوية بالنسبة لبقية أفراد العشيرة . وطالما أن القوانين المندلية تنطبق على انتقال الجينات بين أفراد هذه العشيرة - فقد أطلق سيوال رايت S.Wright لفظ " عشيرة مندلية " على مثل هذه المجموعة من الأفراد وبناءً على ذلك يعتبر النوع Species هو أكبر العشائر المندلية ، إذ أن الحد الأقصى للتزاوج الخلطى هو النوع الواحد . فالنوع البشرى - مثلا - هو عشيرة كبيرة واحدة مقسمة إلى عشائر أصغر أو سلا لات ، وهذه تُقسّم بالتالى إلى تجمعات Groups ، أو مجموعات لغوية وقومية ودينية واقتصادية ، ويحدث بين أفراد كل مجموعة تزاوج أكثر ما بين أفراد كل مجموعتين . ولا حظ أن الكائنات التى تتكاثر لا جنسيا Asexually propagating لا تدخل ضمن العشائر المندلية . كما أن الكائنات التى تتزاوج ذاتيا - مثل نباتات القمح والشعير والبسلة - الخ - لا تعتبر عشائر مندلية - وذلك لعدم حدوث تزاوج عشوائى فيما بين افرادها .

العينة من العشيرة :

حيث أنه من الصعوبة اجراء التحليلات الاحصائية والوراثية على جميع أفراد عشيرة ما للتوصل الى الثوابت الحقيقية لها ، لذلك كان الاحتياج الى الحصول على الثوابت التقديرية للثوابت الحقيقية هو الاساس فى تحديد السلوك الوراثى للعشيرة . وتتوقف دقة الثوابت التقديرية وتمثيلها لجميع أفراد العشيرة اصدق تمثيل ، على أخذ عينة عشوائية منها تمثل المجموع تمثيلا صادقا .

وللتوصل الى الاستدلالات عن خاصية العشيرة يجب أن تكون العينات مأخوذة منها بطريقة غير متحيزة unbiased .

ويقصد بالعينه العشوائية Random sample، أن كل فرد في العشيرة له نفس الفرصة كأي فرد آخر أن يُنتخب كممثل للمجموع . بمعنى أنه يجب ألا يكون هناك تحيز في اختيار فرد معين دون الآخر ، لأنه اذا حدث ذلك فيكون الاختيار هنا مبنيا على تركيب وراثي معين ، وبالتالي تحدث زيادة في مثل هذا التركيب الجيني في أفراد العشيرة في الأجيال التالية .

لذلك فان مثل هذه العينات المتحيزة biased لا تمثل العشيرة تمثيلا حقيقيا . وتجدر الملاحظة - عند أخذ أي عينة - أن جميع النظريات الرياضية المستعملة في الاحصاء الوراثي مبنية على أساس العينة العشوائية . كما أن الشرط الأساسي في تمثيل العشيرة مندلية هو تزاوج الأفراد تزاوجا عشوائيا . وأخذ عينة من هذه العشيرة يجب أن يكون بدون تحيز لأي من الأفراد . فكلما قربت العينة من هذه الحالة كلما قربت النتائج من الحقيقة والتي تمثل العشيرة الأصلية أصدق تمثيل . ويختلف حجم العينة باختلاف نوع الكائن ، وكذلك تبعاً لعدة ظروف مثل :

(١) التكاليف . (٢) الدقة المطلوبة . (٣) حجم الكائن .

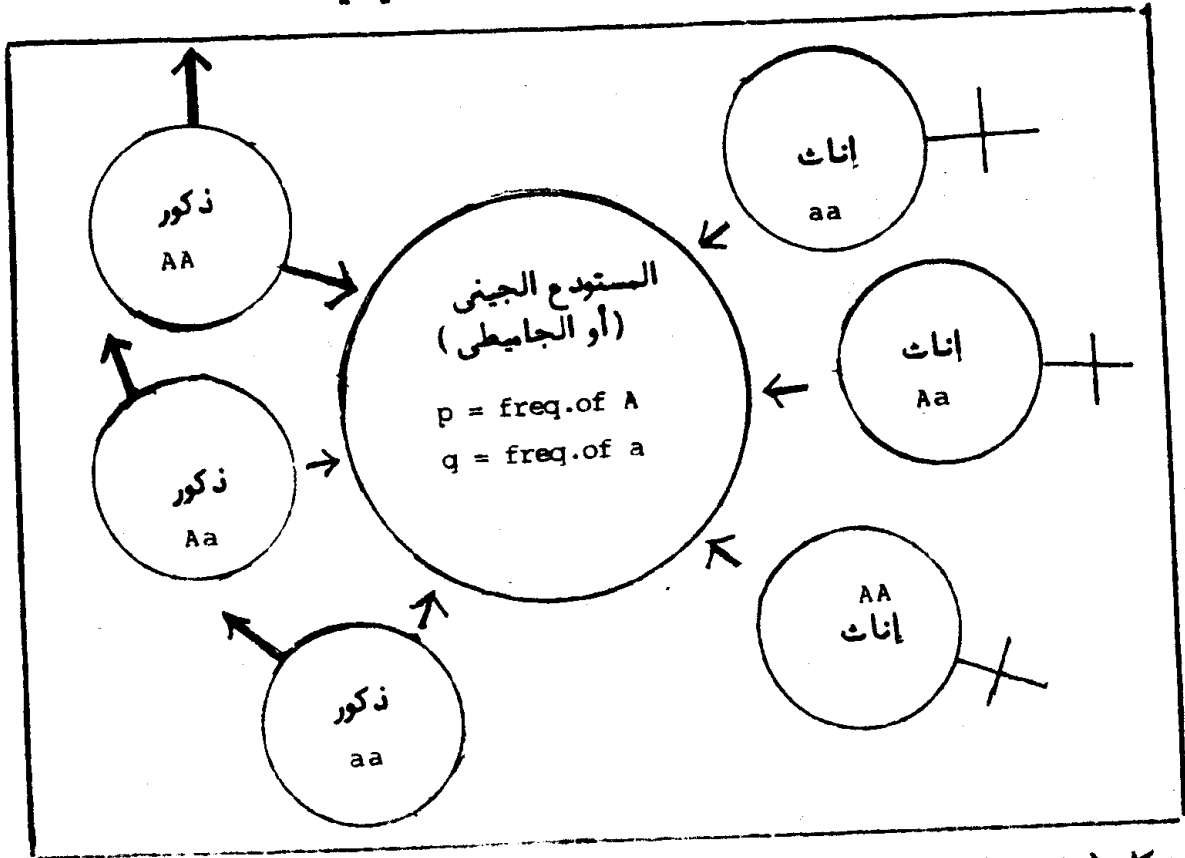
إلا أنه كلما زاد عدد أفراد العينة كانت النتائج أقرب إلى الواقع .

: Gene pool

المستودع الجيني

لو تخيلنا أن كل الجاميطات الناتجة من عشيرة مندلية هي عبارة عن خليط (من الناحية النظرية) لكل الجينات التي سوف ينشأ منها الجيل

التالى ، فإنه يمكن إطلاق لفظ " المستودع الجينى Gene pool على كسل الجينات الموجودة فى الجاميطات التى يكونها أفراد العشيرة الناجمين جنسيا ، ذكورا وإناثا - وقد يستعمل المصطلح " المستودع الجاميطى Gametic pool " لنفس الغرض . ويعتبر المستودع الجينى للعشيرة هو المصدر الذى تؤخذ منه عينات عشوائية من الجاميطات لتكون زيجوتات الجيل التالى . ومن ثم فالعلاقة الوراثية بين جيل ما والجيل الذى يليه على مستوى العشيرة مشابهة تماما للعلاقة الوراثية بين أحد الأبوين ونسله . ولما كانت تكرارات الجينات فى الجيل الجديد ، سوف تتأثر الى حد ما ، بتكرارات نفس الجينات فى الجيل السابق ، فإنه يمكن القول أن تكرارات الجينات هى التى تتوارث فى العشائر ، أكثر من الجينات فى حد ذاتها - كما هو الحال فى الوراثة المندلية التقليدية .



شكل (١-١) : رسم تخطيطى يوضح المقصود بالمستودع الجينى .

الباب الثاني

قانون هاردي - فاينبرج

Hardy-Weinberg Law

العشائر المتزنة وقانون هاردي - فاينبرج :

تستمد نظرية وراثية العشائر جذورها من القاعدة التي وضعها كل من العالم الانجليزي هاردي " Hardy " والعالم الالماني فاينبرج Weinberg كل على حده عام ١٩٠٨ ، حيث أنهما درسا سلوك الجينات في العشائر النموذجية (وهي التي يقصد بها العشائر المندلية) ، والعشيرة النموذجية لها خاصيتان أساسيتان ، نادرا ما توجدان في العشائر الطبيعية Natural Populations ، وهما :

- (١) يفترض في العشيرة المندلية أن أفرادها تتزاوج فيما بينها عشوائيا .
- (٢) يفترض أن تكون العشيرة كلها متوازنة وراثيا .

وكما سبق الذكر ، فالتزاوج العشوائي Random mating يعني أن أي أنثى بالغة - بشرط أن تكون قادرة فسيولوجيا - لها فرصة متساوية لأن تتزاوج مع ذكر قادر فسيولوجيا داخل العشيرة . ومعنى آخر يتم التزاوج بين أفراد العشيرة دون تحيز بالنسبة للتركيب الوراثي Genotype أو المظهر Phenotype . وفي العشيرة المتزنة وراثيا لا تتأثر تكرارات الجين Gene frequencies بواسطة أية ضغوط تطورية وتبقى كما هي ، أي أن أي جين في العشيرة لم يعد له أفضلية توافهية للبيئة السائدة عن غيره ، ولا توجد جينات في العشيرة تدخل في تغيرات طفورية .

التكرار الجيني Gene frequency :

كان الاعتقاد السائد بين علماء الوراثة المندلية أن الجينات

(الأليلات) السائدة أكثر تكرارا من الأليلات المتنحية وهذا الاعتقاد

بنى على أساس أن الأليل السائد يتوارث مندليا بنسبة ٣ سائد إلى ١ متنحي . لكن في الحقيقة كثيرا من الأليلات السائدة - كجين الأصابع القصيرة brachydactyly مثلا - يتواجد بتكرارات قليلة جدا في العشائر الآدمية مما أعطى الدليل على أن الأليلات السائدة والأليلات المتنحية في العشائر لا تتبع السلوك المندلي التقليدي ، ولكنها تتواجد بتكرارات ثابتة - تحت شروط معينة ، ومن ثم فتكرارات الجينات في العشيرة لا تعتمد على السيادة dominance أو التنحي recessiveness .

وتختص قاعدة هاردي - فاينبرج بتكرارات كل من الأليلات والطُـرُز

الجينية genotypes الأصلية homozygous ، والخلطة heterozygous

في العشائر المندلية . وليس صحيحا أن الأليلات السائدة dominant

alleles تكون أكثر تكرارا ، والمتنحية recessive alleles تكون

نادرة أو أقل تكرارا ، أو أن الأفراد ذوي المظهر المتنحي لا يسد وأن

يظهروا في العشائر بنسبة ٢٥% أو بأى نسبة معينة أخرى . ولقد بين

هاردي وفاينبرج أن العشائر تحتوى على الصفات السائدة والمتنحية بأى

نسبة ، ولقد وضعنا قانونهما الذى ينص على :

في العشائر المندلية ذات التزاوج العشوائى وفى غياب القوى السنى

تغير من تكرارات الجين ، تميل التكرارات النسبية لكل أليل جينى أن تبقى

ثابتة من جيل إلى جيل .

ونظرا لأهمية هذا القانون ، يجب أن نتفهم طريقة استخلاصه .

ومقصد بالتكرار الجينى gene frequency بيان ما إذا كان جين

معين نادراً أو موجوداً بكثرة في العشيرة ، وذلك بالنسبة للأليلات الأخر

الموجودة لنفس الجين فى نفس العشيرة .

ثبات التكرار الجينى فى العشيرة :

لقد أثبت كل من هاردى وفاينبيرج عام ١٩٠٨ أن التكرارات الجينية فى العشائر المنديلية ثابتة من جيل للذى يليه ، اذا توفرت فى العشائر شروط معينة . ويمكن توضيح ذلك بالمثال التالى :

القدرة على تذوق المادة الكيميائية فينيل ثيوكارباميد (PTC) تعتمد فى توارثها بين الآدميين على التفارق فى جين واحد ذى أليلين (t, T) وأليل القدرة على التذوق (T) سائد على أليل عدم القدرة على التذوق (t) ، ومن ثم فالأفراد الخليطون Tt ذواقون مثل الأفراد (TT) بينما الأفراد (tt) هم غير الذواقين فقط . فلو فرض أننا اخترنا عشيرة أولية تتكون من عدد فرضى من كل تركيب وراثى (طراز جينى) ، فقد يطرح السؤال التالى نفسه :

ماذا سيكون تكرار هذه الجينات (الأليلات T ، t) بعد عدة أجيال ؟
فعلى سبيل المثال ، لو أننا وضعنا فى جزيرة ما عدداً من الأطفال بالنسبة التالية :

$$TT \cdot ٤٠ : Tt \cdot ٤٠ : tt \cdot ٢٠$$

فيكون التكرار الجينى فى هذه العشيرة المتكونة من جديد هو :

$$T = ٠.٤٠ + ٠.٢٠ = ٠.٦٠$$

$$و \quad t = ٠.٢٠ + ٠.٢٠ = ٠.٤٠$$

أيضاً دعنا نفترض أن عدد الأفراد فى العشيرة كبير وأن القدرة على التذوق وعدم القدرة على التذوق لا تأثير لها على : الحيمة (أو القابلية

للحياة) - الخصوبة - التجاذب بين الجنسين .

وعند ما يصل هؤلاء الأطفال إلى طور البلوغ فإنّ كلا من الطرفين سوف يختار قرينه عشوائيا بغض النظر عن قدرته على التذوق . والتزاوج بين أى تركيبين وراثيين سوف يمكن التنبؤ به كلية على أساس تكرار تواجد كل منهما فى العشيرة . وكما هو موضح فى الجدول (٢-١) يمكن أن يحدث تسعة طُرُز للتزاوج منها ثلاثة عكسية لبعضها وهى : (٤،٢) و (٣،٢) و (٦،٢) ، وفى المجموع يوجد ٦ طُرُز مختلفة التوافق بين هذه الطُرُز الجينية وهذه سوف تعطى نسلا بالنسبة الموضحة فى الجدول (٢-٢) .

جدول (١-٢) : توافق طرز التزاوج العشوائي وتكراراتها النسبية في عشيرة

تحتوى على : 0.40 TT , 0.40 Tt , 0.20 tt

♂ ♀	TT 0.40	Tt 0.40	tt 0.40
TT 0.40	0.16 (1)	0.16 (2)	0.08 (3)
Tt 0.40	0.16 (4)	0.16 (5)	0.08 (6)
tt 0.20	0.08 (7)	0.08 (8)	0.04 (9)

TT x TT	(1)	= 0.16
TT x Tt	(2) + (4)	= 0.32
TT x tt	(3) + (7)	= 0.16
Tt x Tt	(5)	= 0.16
Tt x tt	(6) + (8)	= 0.16
tt x tt	(9)	= 0.04

Total

1.00

المجموع =

جدول (٢-٢) التكرارات النسبية لطرز النسل الناتجة من الزيجات
الموضحة في الجدول (١-٢) .

الآباء		نسب النسل			تكرارات النسل		
		TT	Tt	tt	TT	Tt	tt
تكرار التزاوج	طرز التزاوج						
TT x TT	.16	(.16)			.16		
TT x Tt	.32	$\frac{1}{2}$ (.32)	$\frac{1}{2}$ (.32)	-	.16	.16	
TT x tt	.16		(.16)			.16	
Tt x Tt	.16	$\frac{1}{4}$ (.16)	$\frac{1}{2}$ (.16)	$\frac{1}{4}$ (.16)	.04	.08	.04
Tt x tt	.16		$\frac{1}{2}$ (.16)	$\frac{1}{2}$ (.16)		.08	.08
tt x tt	.04			.04			.04
Total	1.00				0.36+0.48+0.16=1		

ما سبق يلاحظ أنه بالرغم من أن تكرارات التراكيب الوراثية قد تغيرت بواسطة التزاوج العشوائي، إلا أن التكرارات الجينية لم تتغير . فبالنسبة للآليل T، يكون تكراره الجيني = $0.36 + \frac{1}{4} (0.48) = 0.60$ ، وبالنسبة للآليل t، يكون تكراره الجيني = $0.16 + \frac{1}{4} (0.48) = 0.40$ وهي نفس التكرارات الجينية في العشيرة في الجيل السابق . ونحت هذه الظروف - ونفرض النظر عن التكرارات الأولية للتراكيب الوراثية (الطرز الجينية) الثلاثة ، فإن التكرارات الجينية gene frequencies في الجيل التالي سوف تكون مماثلة لنفس التكرارات

الجينية في جيل الآباء .

فعلى سبيل المثال ، لو كان الجيل الأساسى لهذه الجزيرة المعزولة يتكون من

تكرارات الطرز الجينية الثلاثة التالية : $0.25 TT, 0.70 Tt, 0.05 tt$

فان التكرار الجينى لـ T : $T = 0.25 + \frac{1}{2} (0.70) = 0.60$

والتكرار الجينى لـ t : $t = 0.05 + \frac{1}{2} (0.70) = 0.40$

وهى نفس التكرارات الجينية السابق ذكرها .

وبالرغم من تكرارات الطرز الجينية الجديدة ، فان النسل الناتج مرة أخرى

سوف يكون بالنسبة التالية : $0.36 TT : 0.48 Tt : 0.16 tt$

انظر الجدول (٢-٣) أى أن التكرارات الجينية هي :
 $t = 0.40$, $T = 0.60$

جدول (٢-٣) : تكرارات النسل الناتج بواسطة التزاوج العشوائى فى

عشيرة تحتوى على تكرارات طرز جينية : $TT 0.25, Tt 0.70, tt 0.05$

الآباء		النسل		
التزاوج	التكرار	TT	Tt	tt
TT x TT	$0.25 \times 0.25 = .0625$	0.0625		
* TT x Tt	$0.25 \times 0.70 \times 2 = .3500$	0.1750	0.1750	
* TT x tt	$0.25 \times 0.05 \times 2 = .0250$		0.0250	
Tt x Tt	$0.70 \times 0.70 = .4900$	0.1225	0.2450	0.1225
* Tt x tt	$0.70 \times 0.05 \times 2 = .0700$		0.0350	0.0350
tt x tt	$0.05 \times 0.05 = .0025$			0.0025
	1.0000	0.3600	0.4800	0.1600

ويترتب على ذلك استنتاجان هامان :

(١) تحت ظروف التزاوج العشوائى (panmixis) - فى عشيرة كبيرة الحجم حيث تكون جميع الطرز الجينية (genotypes) متساوية فسى حيوتها فإن التكرارات الجينية فى جيل ما تتوقف على التكرارات الجينية للجيل السابق وليست على تكرارات الطرز الجينية genotypes لهذا الجيل السابق .

(٢) تكرارات الطرز الجينية التى تنتج تحت ظروف التزاوج العشوائى تتوقف فقط على التكرارات الجينية .

ما سبق يتضح أن الجينات هى الوحدات الثابتة فى العشيرة وليسست الطرز الجينية - ومن ثم فالتعامل معها يُمكن من التنبؤ بتكرارات هذه الطرز الجينية فى الأجيال المستقبلية - بشرط عدم تدخل عوامل خارجية تغيّر من تكراراتها - وبشرط حدوث التزاوج العشوائى المطلق بين جميع الطرز الجينية .
وتمشياً مع مثالنا السابق ، فإنه يمكن التنبؤ بأن التكرار الجينى الأولى فى العشيرة سوف لا يتغير فى الجيل التالى أو فى الأجيال المتعاقبة .
كذلك فإنه بعد الجيل الأول من التزاوج العشوائى ، فإن تكرارات الطرز الجينية سوف تبقى ثابتة ، أى تصل إلى حالة الاتزان " Equilibrium " .

وهذا الاتزان للطرز الجينية ، والمبنى على تكرارات جينية ثابتة وتزاوج عشوائى يعرف " بقانون " هاردي - فاينبرج " للتوازن الوراثى فى العشائر المندلية Hardy - Weinberg Equilibrium .

وهو يعتبر النظرية الأساسية لعلم وراثة العشائر Population Genetics .
وفى الأجزاء التالية سوف نتناول هذا القانون عبر الأجيال المتتالية للعشيرة مستخدمين الطرق الرياضية المبسطة .

ويمكن وصف العلاقة بين التكرارات الجينية وتكرارات الطرز الجينية بأسلوب جبرى باستخدام قانون هاردي - فاينبرج كالآتى :

إذا فرضنا أن p تكرار جين معين فى عشيرة مندلية (وليكن T مثلا) و q هى تكرار أليله (وليكن t مثلا) ، يترتب على ذلك أن

$$p + q = 1$$

ومن ثم فإن تكرارات التوازن للطرز الجينية يمكن حسابها من مفكوك المعادلة

$$(p + q)^2 = p^2(TT), 2pq(Tt), q^2(tt)$$

ذات الحدين وهى :

فإذا كانت التكرارات الجينية لكل من T و t هى :

$p = 0.6$ و $q = 0.4$ على التوالى ، فإن تكرارات التوازن للأطعم الجينية

$$(0.6)^2(TT) + 2(0.6 \times 0.4)(Tt) + (0.4)^2(tt)$$

$$= 0.36 TT + 0.48 Tt + 0.16 tt = 1$$

يمكن تصوير هذه العلاقة من الجدول الشطرنجى (صفحة ٢٥) والذي تكون فيه تكرارات الطرز الجينية هى نتيجة للاتحاد العشوائى بين الأليلات الموجودة بتكرارات قدرها p ، q .

يمكن الوصول الى نفس النتيجة باستخدام مفكوك المعادلة ذات الحدين :

$$(p + q)^2 = p^2 + 2pq + q^2$$

وبناءً على ذلك فهأى قيم لكل من p و q وتحت ظروف التزاوج العشوائى ،

فإن جيلا واحدا يكفى للوصول الى حالة الاتزان لكل من التكرارات الجينية

وتكرارات الطرز الجينية - ويستمر هذا التوازن حتى يحدث تغيير فى التكرار

الجينى .

تحديد تكرارات التراكيب الجينية في العشيرة Genotype frequencies

يقصد بذلك النسبة المئوية للتراكيب الوراثية الموجودة في العشيرة والخاصة بموقع جيني معين ، وهو يعطى وصفا للعشيرة .

مثال : التكرار النسبي للتراكيب الجينية لموقع وراثي وليكن A-a هو :

$$\begin{array}{ccc} AA & Aa & aa \\ 0.20 & + 0.30 & + 0.50 = 1.0 \end{array}$$

وعلى سبيل المثال ، لو أخذنا عينتين من الناس ، من القاهرة والاسكندرية لتحديد تكرار مجموعة الدم MN ، والتي يتحكم فيها أليلان السيادة بينهما مشتركة Codominance نجد انه يوجد ثلاث تراكيب وراثية هي : MM ، MN ، NN .

فاذا كانت عينة القاهرة ٥٦٩ فردا ، وعينة الاسكندرية عدد ٦٧٦ فردا وكانت النسب المئوية للتراكيب الثلاثة هي :

		MM	MN	NN	
القاهرة	١ =	٨٣,٥ %	١٥,٥ %	١ %	
الاسكندرية	١ =	٣١,٥ %	٥١,٥ %	١٧ %	

• يمكن القول بأن العشيرتين مختلفتان عن بعضهما أيضا في التراكيب الجينية ، كما أن كل عشيرة تختلف فيما بينهما أيضا .

تحديد التكرار الجيني Gene frequency :

لتوضيح ذلك نسوق المثال التالي :

ذكر العالم " لاش " Lush " عام ١٩٤٧ ، أنه بفحص ٣٠٠٠ حيوان ناتجة من ١٠٠٠ (آباء) في ماشية الشورت هورن Shorthorn cattle في قطعان

بريطانية وكندية وأمريكية ، وجد أن نسبة الألوان بين هذا النسل هي :

٨٠,٦% ذات لون أبيض white ، تركيبها الوراثي rr

٤٣,٨% ذات لون طوبى Roan ، تركيبها الوراثي Rr

٤٧,٦% ذات لون أحمر Red ، تركيبها الوراثي RR

ومثل هذه الألوان يمكن الحصول عليها من تزاوج آباء بيض اللون مع آخر حُر اللون ، وأن أفراد الجيل الناتج من هذا التزاوج تكون كلها طوبية اللون ، ويتزاوج هذه الأفراد الطوبية فيما بينها ، يحدث انعزال للمعامل الوراثية ، وتكون نسبة الأفراد في النسل هي :

١ أحمر : ٢ طوبى : ١ أبيض

وحيث أن اللون الأبيض له التركيب الوراثي (rr) والأحمر (RR)

والطوبى (Rr) ، فإذا فرضنا أن p تمثل التكرار الجيني للأليل R

وأن ٢١,٩% من المعامل الوراثية في الأفراد الخليطة (Rr) وهي أيضا

نتيجة للأليل R

$$\therefore \text{تكرار } R = ٤٧,٦\% + ٢١,٩\% = ٦٩,٥\%$$

أما بالنسبة للأليل r المسبب للون الأبيض ، نجد تكراره في هذه المجموعة هو :

٢١,٩% من الأليلات في الحيوانات طوبية اللون

٨,٦% من الأليلات في الحيوانات بيض اللون

٣,٥% وهو تكرار الأليل r ، ولنفرض أنه q

وقد حُلّل " لاش Lush " هذه الألوان إحصائيا ، وقارن النسب

الحقيقية الموجودة بين أفراد القطعان المختلفة والنسبة المتوقع الحصول عليها ، ووجد أنه لا يوجد فرق ملحوظ بين النسبتين (المشاهدة والمتوقعة) فى حالتى اللون الأبيض والأحمر ، لكنه وجد فرقا ملحوظا فى حالة الأفراد طوبية اللون ، كما هو موضح فى الجدول التالى :

جدول (٢-٤) : النسب الحقيقية والمتوقعة فى توزيع الألوان الثلاثة الماشية الشورتهدون .

اللون	النسبة الحقيقية %	النسبة المتوقعة %	الفرق
أحمر RR	٤٧,٦	٤٨,٣	- ٠,٧
طوبى Rr	٤٣,٨	٤٢,٤	+ ١,٤
أبيض rr	٨,٦	٩,٣	- ٠,٧

يمكن تحليل الحصول على مثل هذا الفرق الملحوظ إلى أن مربي الحيوانات يفضلون اللون الطوبى على الألوان الأخرى ، أى أن المربين يقومون باجراء انتخاب مستمر للأفراد طوبية اللون .

وإذا فرض أن عدد الأفراد فى عينة من عشيرة حيوانية هو (N) وأن عدد الأفراد ذوى التركيب السائد الأصيل فى هذه العينة هو (D) ، وأن عدد الأفراد خليطى التركيب الوراثى هو (H) وعدد الأفراد ذوى التركيب الوراثى المتنحى هو (R) ، فبناءً على ذلك يمكن تمثيل هذه المجموعة كالآتى :

$$\begin{array}{ccccccc} & AA & & Aa & & aa & \text{التركيب الوراثى} \\ D & + & & H & + & R & = 1 \text{ المجموع} \end{array}$$

ونظرا لوجود أليلين اثنين فقط لهذا الموقع الوراثي ، فإنه يلا حفظ وجود ثلاثة تراكيب وراثية ، ولحساب تكرار كل من الأليلين a و A ، يلا حفظ أن كل فرد تركيبه الوراثي AA يحمل الأليلين من A ، وأن كل فرد تركيبه الوراثي Aa ، يحمل في تركيبه الوراثي الأليل A والأليل a ، لذلك يمكن القول بأن التكرار الجيني للأليل A بين هذه الأفراد هو :

$$p = \frac{2D + H}{2N} \quad \text{or} \quad p = \frac{D + \frac{1}{2}H}{N}$$

وأن التكرار الجيني للأليل a هو :

$$q = \frac{2R + H}{2N} \quad \text{or} \quad q = \frac{R + \frac{1}{2}H}{N}$$

وتحت التزاوج العشوائي لا بد وأن يكون مجموع التكرار الجيني لكل من a و A مساويا واحدا صحيحا .

فاذا فرضنا أن التكرار الجيني للأليل A هو p ، وأن التكرار الجيني للأليل

$$\therefore p + q = 1 \quad \text{a هو } q$$

يمكن توضيح ذلك من المثال التالي :

في قطيع من الحيوانات ذات التراكيب الجينية المختلفة ، وجدت النسب

	AA	Aa	aa
المجموع	D	H	R
	100 % = 30 %	60 %	10 %

يمكن حساب التكرار الجيني كالآتي :

$$\begin{array}{lcl} A \text{ تكرار} & = & (30 \times 2) + (60) = 120 \\ a & = & 60 + 20 = 80 \\ & & \hline & & 200 \end{array}$$

∴ تكرار الجينات في هذه العشيرة هو :

$$\begin{aligned} p &= A = \frac{120}{200} = 0.60 = A && \text{تكرار الأليل} \\ q &= a = \frac{80}{200} = 0.40 = a && \text{تكرار الأليل} \end{aligned}$$

$$\therefore p + q = 0.60 + 0.40 = 1.00$$

عرض القانون جبريا :

يمكن حساب التكرار الجيني بطريقة جبرية من مفكوك المعادلة ذات الحدين كالآتي :

إذا أخذنا في الاعتبار موقعاً جينياً واحداً في عشيرة مندلية ، فإنه يمكن تحديد تكرار الأليلات في ذلك الموقع في العشيرة . مرة أخرى نفرض وجود الأليلين A و a ، فإذا رمزنا لتكرار A بالرمز p ولتكرار a بالرمز q ، فمن المنطقي أن مجموع $(p + q = 1)$. ونفرض أن العشيرة نموذجية والتزاوج عشوائي ، فإنه يمكن اعتبار أن جميع الجاميطات فيها تكون مستودعاً واحداً Gene pool ، وأن تكرار الأليلات المختلفة تمثل احتمالات . وبناءً على ذلك فإن p تدل على احتمال " سحب " جاميطة حاملة للأليل A في عينة عشوائية من المستودع الجاميطي ، و q تدل على احتمال " سحب " جاميطة حاملة للأليل a .

وعندما نأخذ في الاعتبار احتمال سحب جاميطتين معينتين سواء أي احتمال أن تتحد لتكونا زيجوتا ، ففي هذه الحالة نضرب احتمالات الأحداث البسيطة المستقلة للحصول على الاحتمال المركب . وبناءً على ذلك ، إذا كانت p هي احتمال اشتراك أي جاميطة A في إخصاب معين ، فإن احتمال تكون فرد أصيل AA يساوي $p \times p = p^2$. وبفسف الطريقة ، فإن احتمال تكون فرد أصيل aa هو مضروب $q \times q = q^2$. وأخيراً يكون احتمال تكون فرد خليط Aa يساوي

أو $q \times p$ $2pq = qp + pq = q \times p$ ، وهذه العلاقات مبينة بطريقة أكثر وضوحاً في الرسم التالي :

جاميطات مؤنثة

♀

P(A) q(a)

p(A)	p ² (AA)	pq(Aa)
q(a)	pq(Aa)	q ² (aa)

♂

جاميطات مذكرة

أي أن

$$p^2(AA) + 2pq(Aa) + q^2(aa) = 1$$

$$\therefore p(A) + q(a) = 1$$

عناصر توازن هاردي - فاينبرج • ضرب تكرارات الجاميطات

مع بعضها للتنبؤ بتكرارات التراكيب الجينية في الجيل التالي • ولا بد أن يكون المجموع الكلي لها مساوياً واحداً صحيحاً

ويمكن تلخيص ما سبق جبرياً فيما يلي :

p^2	$=$	AA	تكرار الأفراد الأصلية
$2pq$	$=$	Aa	تكرار الأفراد الخليطة
q^2	$=$	aa	تكرار الأفراد الأصلية

وفي جميع الأحوال لا بد أن المجموع الكلي يساوي واحداً صحيحاً ،

أى أن : $\sqrt{(p+q)^2} = 1$ ، $p^2 + 2pq + q^2 = 1$ ،
 ما سبق يلاحظ أن المعادلة $(p^2 + 2pq + q^2)$ هي التعبير
 الجبرى عن مفكوك المعادلة ذات الحدين ، وتطبيقها فى علم وراثية العشائر
 يعرف بقانون "هاردى فاينبرج" ، وهى تيسر لنا كيفية حساب تكرار أليلات
 الجين فى العشائر النموذجية .

والمثال التالى يوضح لنا كيفية حساب التكرار الجينى بالطريقة الجبرية :
 إذا فرضنا أنه فى عشيرة آدمية متزنة والتزاوج فيها عشوائى ، وجد أن ٣٦%
 من الأشخاص غير ذواقين و ٦٤% ذواقون لمادة الفينيل ثيوكراميد (PTC) ،
 وهى مادة تكون شديدة المرارة لدى بعض الأشخاص ، ولا يشعر بمذاقها
 أشخاص آخرون ، والقدرة على التذوق T سائدة على عدم التذوق t ، وحيث
 أن الناس عادة لا يشعرون بقدرتهم على تذوق أو عدم تذوق هذه المادة ،
 فليس منهم من يختار قرينه تبعاً لمقدرته (أولمقدرتها) على تذوق هذه
 المادة . لذلك تجرى الزيجات عن طريق الصدفة ، وتعتبر العشيرة فيما
 يتعلق بهذه الصفة عشوائية التزاوج .

وبناءً على ذلك يمكن حساب التكرار الجينى كالآتى :

(١) حيث أن الأفراد غير الذواقين لا بد أن يكونوا أصليين (tt) ،
 ∴ يكون تكرار التركيب الوراثى $tt = ٣٦\% = ٠.٣٦$.

(٢) ∴ الأفراد الذواقين قد يكونوا إما TT أو Tt ، أو كليهما ،
 ∴ مجموع تكرار TT و Tt $= ١ - ٠.٣٦ = ٠.٦٤$.

(٣) وحيث أنه من المعادلة :

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1$$

$$\therefore q^2 = aa = 0.36$$

$$\therefore q = \sqrt{q^2} = \sqrt{0.36} = 0.6$$

(٤) وحيث أنه من المعادلة :

$$p + q = 1$$

$$\therefore p = 1 - 0.6 = 0.4$$

$$\therefore p^2 = TT = 0.4 \times 0.4 = 0.16 = 16\%$$

وهو تكرار الأفراد الأصيلة

(٥) تكرار الأفراد الخليطة

$$2pq = Tt$$

$$\therefore 2pq = 2 \times 0.6 \times 0.4 = 0.48$$

$$= 48\%$$

ذواتيين ويمكن تلخيص ذلك كالآتي :

التركيب الوراثي

TT
p²

Tt
2pq

tt
q²

التكرار 16%

48%

36% = 100% = 1

ولكن ماذا يكون من أمر هذه العشيرة في الجيل التالي ؟ دعنا نأخذ

في الاعتبار ثانية تكرار الجاميطات في المستودع الجيني Gene pool . فعلى

فرض أن كل فرد يعطى نفس العدد من الجاميطات الفعالة ، وأن الأصل TT

يعطى جاميطات T فقط ، والأصل tt يعطى جاميطات t فقط ، بينما يعطى

الخليط Tt طبقا لقانون مندل الأول عددين متساويين من الجاميطات T و t

— فتبعا لذلك يكون تكرار الأليلين T و t في المستودع الجيني هو :

$$T = 0.16 + (0.24 \times 0.5) = 0.28$$

$$t = 0.36 + (0.24 \times 0.5) = 0.48$$

وهكذا يكون تكرار كل من T و t بين الجاميطات التي ستكون الجيل التالي مساويا لتكرارهما في الجيل السابق . ويكون تركيب العشيرة في كل من الجيل الاول والثاني والايال التالية كالآتى :

٠١٦ TT (ذواتون) + ٠٤٨ Tt (ذواتون) + ٠٣٦ tt (غير ذواتين) .

ما سبق يتضح ان الخاصية الاساسية للعشيرة النموذجية (المندلالية) هي : " بغض النظر عن النسب الخاصة بتركيب وراثية معينة في عشيرة ما ، فإن التراكيب الوراثية في الجيل التالي ، وما يعقبه من اجيال لا بد ان تتبع توزيع هاردي - فاينبرج ، بشرط ان يكون كلا الجنسين ممثلا بالتساوى " .

ويمكن توضيح ذلك من المثال التالى :

اذا كان جيل البداية يتكون من ٧٠٠٠ فرد AA و ٣٠٠٠ فرد aa ، فإن تكرار التركيب الوراثية الاولى يكون : $AA = ٠.٧$ و $aa = ٠.٣$ وكذلك تكون التكرارات الاولى للاليلات $A = ٠.٧$ ، و $a = ٠.٣$ ، وفي غياب القوى التى تغير تركيب العشيرة وعندما يحدث التزاوج العشوائى ، ويتكون مستودع جاميطى مشترك ، فإن p ستظل تساوى ٠.٧ ، و $q = ٠.٣$ أيضا . والآن اذا طبقنا قاعدة هاردي - فاينبرج ، فاننا نتوقع ان يكون :

$p^2 = 0.7 \times 0.7 = 0.49$	AA	تكرار التركيب الوراثى
$q^2 = 0.3 \times 0.3 = 0.09$	aa	تكرار التركيب الوراثى
$2pq = 2 \times 0.7 \times 0.3 = 0.42$	Aa	تكرار التركيب الوراثى
----- 1.00		
المجموع		

وهى تكرارات التراكيب الوراثية فى الجيل التالى لجيل البداية . فإذا

حسبنا التكرار الجينى (الاليلى) فى هذا الجيل ، وهو كما يلى :

$$p = \frac{1}{2} (0.42) + 0.49 = 0.70 \quad A \text{ تكرار}$$

$$q = \frac{1}{2} (0.42) + 0.09 = 0.30 \quad a \text{ تكرار}$$

نجد أن هذه التكرارات هى نفس التكرارات فى جيل البداية الاصلى .
 ومعنى آخر طالما أن العشيرة متزنة وراثيا وتتزوج عشوائيا ، وطالما أن
 العينات من المستودع الجامطى تؤخذ عشوائيا ، فإن التكرارات الاليلية
 ، وكذلك تكرارات التراكيب الوراثية لا يمكن أن تزيد أو تنخفض من جيل للذى
 يليه بل تظل ثابتة . وأي عشيرة نموذجية (مندلية) لا يحدث بها تغيرات
 فى تكراراتها الاليلية أو تكرارات تراكيبها الوراثية من جيل للذى يليه . وعلى
 العكس من ذلك ، فإن التغيرات تلاحظ عند دراسة العشائر الطبيعية
 خلال سلسلة من الأجيال . ولتحديد ما إذا كانت أخطاء أخذ العينات من
 العشيرة هى المسؤولة عن هذه التغيرات ، يجرى اختبار مربع كاي (χ^2)
 لمقارنة التكرارات المتوقعة مع الملاحظة ، وتحديد درجة معنوية الانحرافات .
 فإذا كانت هذه الانحرافات غير جوهرية كانت العشيرة متزنة ، أما إذا كانت
 الانحرافات جوهرية فإن النظرية لا تنطبق على العشيرة موضع الدراسة . وتشأ
 الانحرافات الجوهرية عن الحالة النموذجية لأسباب هى :

- (١) التزاوج فى العشيرة لا عشوائى .
 - (٢) قد تكون العشيرة غير متزنة وراثيا .
 - (٣) العشيرة لا عشوائية التزاوج وغير متزنة وراثيا فى نفس الوقت .
 - (٤) صغر حجم العينة المأخوذة من العشيرة .
- وجب ملاحظة أن قانون هاردي - فاينبرج ، قد بنى على أساس أننا نتعامل

مع عشيرة تتوفر بها الشروط التالية :

- (١) كبر حجم العشيرة للدرجة التى تسمح باهمال أخطاء العينات .
- (٢) اختيار كل من الزوجين لقرينه بطريقة عشوائية .
- (٣) طفور الجينات فى الاتجاه المباشر أو العكس نادر الحدوث .
- (٤) تساوى جميع التراكيب الوراثية فى درجة حيويتها ومعدلات تناسلها .
- (٥) يجب أن تنعزل الجينات انعزالا عاديا أثناء تكوين الجاميطات .
- (٦) يجب أن تكون التكرارات الجينية متماثلة فى كل من الذكور والاناث .

تعريف التكرار الجينى لآليل معين :

التكرار الجينى لآليل ما وليكن A فى عشيرة من العشائر ، هو النسبة المئوية لكل الجينات التى من النوع A بين كل الجينات الشاغلة لموقع جينى معين . ومن ذلك نجد أن مجموع التكرارات الجينية فى موقع جينى معين لا بد وأن تساوى واحدا صحيحا .

ما سبق يمكن حساب التكرار الجينى فى عشيرتى القاهرة والاسكندرية بالنسبة لمجموعات الدم M-N والتى سبق ذكرها ، كما يلى :

مجموعة الدم	M	MN	N
التركيب الجينى	MM	MN	NN
عشيرة القاهرة	٠.٨٣٥	٠.١٥٦	٠.٠٠٩ = ١ -
عشيرة الاسكندرية	٠.٣١٢	٠.٥١٥	٠.١٧٣ = ١ -

التكرار الجينى لعينة الدم فى عشيرة القاهرة :

$$p = D + \frac{1}{2} H$$

$$q = Q + \frac{1}{2} H$$

$$P = ٠.٨٣٥ + (٠.١٥٦) \frac{1}{2} = ٠.٩١٣$$

$$q = ٠.٠٠٩ + (٠.١٥٦) \frac{1}{2} = ٠.٠٨٧$$

$$\text{المجموع} = ١.٠٠٠$$

التكرار الجينى لعينة الدم فى عشيرة الاسكندرية :

$$p = D + \frac{1}{2} H = ٠.٣١٢ + \frac{٠.٥١٥}{2} = ٠.٥٧٠$$

$$q = Q + \frac{1}{2} H = ٠.١٧٣ + \frac{٠.٥١٥}{2} = ٠.٤٣٠$$

$$\text{المجموع} = ١.٠٠٠$$

ما سبق يلاحظ أنه عند مقارنة العشائر على مستوى الوحدات الوراثة الدائمة وهى الجينات فإن هذه المقارنة قد أظهرت وجود اختلافات فى تكرارات الجينات. وهكذا يمكننا الاعتماد على هذه الجينات لأنها دائمة فى العشيرة ، كما يمكننا حساب تكرارات هذه الجينات فى الاجيال المتتالية ، ولكن لا يمكن حساب تكرارات نفس التراكيب الجينية فى هذه الاجيال المتعاقبة .

التكرار الجينى والتكرار المظهري :

يمكن حساب تكرار أليل فى المستودع الجينى لائى عشيرة مندلية من التكرار الواقعى لطرز مظهرية معينة . فاذا عرف فى عشيرة ما تكرار الفئة المتنحية الاصيلية (aa) double recessive ، فإنه يمكن حساب تكرار الأليل المتنحى . مثلاً وجد أن ٧٠٪

من عشيرة الأمريكين البيض ذواتون لمادة PTC و ٣٠٪ غير ذواتين ، ومن ذلك يكون تكرار الفئة المظهرية الأصلية للمتحي (tt) هو :

$$t = (1-p)^2 = 0.30$$

وبناءً على ذلك يكون تكرار t هو :

$$t = \sqrt{(1-p)^2} = 1-p = \sqrt{0.30} = 0.55 = q$$

وحيث أنه يوجد أليلان فقط لهذا الجين ، فيكون تكرار الأليل السائد T

$$p = 1 - 0.55 = 0.45$$

وهو p يساوى :

وبناءً على ذلك :

* يجب أن يكون تكرار الأفراد الذواتين الأصليين TT في العشيرة هو

$$p^2 = (0.45)^2 = 0.2025$$

حوالى ٢٠٪

كما يجب أن يكون تكرار الأفراد الذواتين الخليطين ، والذين لا يمكن تمييزهم مظهرياً من الأصليين هو :

$$2pq = 2 \times 0.55 \times 0.45 = 0.4950$$

أى حوالى ٤٩٪ .

وبلا حظ عند مقارنة العشائر على مستوى الوحدات الوراثة الدائمة وهى الجينات ، أظهرت هذه المقارنة وجود اختلافات فى تكرارات الجينات وهكذا يمكننا الاعتماد على هذه الجينات لأنها دائمة فى العشيرة -- كما يمكننا حساب تكرارات هذه الجينات فى الأجيال المتتالية لكن لا يمكن حساب تكرارات نفس التراكيب الجينية فى هذه الأجيال المتتالية .

ويمكن أيضاً إثبات أن $p = q = 1$ بالمثل التالسى :

فى قطيع من الحيوانات ذات التركيب الجينى المختلف وجدت النسب التالية :

مجموع الافراد

	AA	Aa	aa
	D	H	R
	٣	١٢	٢٦
٤٠	=		

بتطبيق المعادلات السابقة نجد أن

حيث أن التكرار الجيني للجين (الأليل) $p = ٠.٢ = \frac{٦+٢}{٤٠} = A$

وأن التكرار الجيني للجين (للأليل) $q = ٠.٨ = \frac{٦+٢٦}{٤٠} = a$

أي أن : $٠.٨ + ٠.٢ = ١$

توضح الطريقة السابقة كيفية حساب التكرار الجيني في حالة السيادة غسبر التامة أو الموزايكية . أما في حالة السيادة التامة والتي فيها يكون التركيب الوراثي الخليط مشابها في المظهر للتركيب الوراثي السائد الأصيل فيمكن حساب التكرار الجيني في العشيرة من المثال التالي :

من المعروف أنه في ماشية الفريزيان والابردين أنجس ذات اللون الأسود يوجد منه غالبا فرد أحمر اللون وذلك بعدد واحد لكل ١٠٠ أو ٢٠٠ من الأفراد النقية في اللون الأسود . وبالتحليل الوراثي يلاحظ أن اللون الأسود صفة سائدة على اللون الأحمر . معنى ذلك أن التركيب الجيني للأفراد سود اللون هو BB والحمر bb وأن الأفراد الخليطة Bb لكنها أيضا ذات لون أسود ولا يمكن مظهرها التمييز بين الأفراد BB , bb

فإذا فرض أن نسبة العامل الوراثي للون الأسود B هو p فلا يمكن بأي حال من الأحوال إيجاد نسبة توزيع هذا الجين بإضافة الأفراد المتماثلة إلى نصف عدد الأفراد غير المتماثلة (كما هو الحال في ماشية الشورتهورن

حيث أنه في هذه الحالة لا يمكن تمييز BB عن Bb لأن كليهما أسود .

وإذا فرض أن التزاوج بين الآباء يتم بطريقة عشوائية وأن التركيب الجيني لهذه الآباء هو $Bb \times Bb$ فإنه يمكن الحصول على نسبة $(1 - q^2)$ للجين B إذا عرفنا أن نسبة العجول المولودة ذات اللون الأحمر هي $(1 - q^2)$ فإذا فرضنا أن كانت هذه النسبة هي 1 في كل ٢٠٠ عجل فإن توزيع العامل b (للون الأحمر) =

$$\frac{1}{200} = \frac{1}{14} \quad \text{، وبناً على ذلك يكون التوزيع التكرارى}$$

$$q = \frac{13}{14} = \frac{1}{14} - \frac{14}{14} = B \quad \text{للعامل}$$

نسبة الافراد الخليطة $2pq = Bb$

$$\frac{1}{8} = \frac{1}{14} \times \frac{13}{14} \times 2 =$$

أى أن كل ٨ عجول سود يكون بينها عجل واحد خليط فقط .

العلاقة بين التوزيع التكرارى للجينات والتزاوج العشوائى :

يقصد بالتزاوج العشوائى أن يتم تزاوج الذكر مع الانثى التى يختارها بنفسه دون أى تدخل من المربي - ويحدث مثل هذا التزاوج بين أفراد أى عشيرة طبيعية . فإذا حدث مثل هذا التزاوج بين أفراد تركيبها الوراثى ونسبها كالاتى :

$$AA (D) : \quad Aa(H) : \quad aa(R)$$

فيكون التركيب الوراثى لأفراد النسل الناتجة عن هذا التزاوج هو :

♀ ♂	(D) AA	(H) Aa	(R) aa
(D) AA	D^2	DH	DR
(H) Aa	HD	H^2	HR
(R) aa	RD	RH	R^2

أى أن المجموع الكلى للنسل باعتباره واحد صحيح :

$$D^2 + 2HD + 2RD + H^2 + 2RH + R^2 = 1$$

ومثل هذه النسبة تكون صحيحة إذا كانت الأفراد فى العشيرة - تحت الدراسة - كثيرة العدد ، أى أن التكرار الجينى لجين معين لا يمكن دراسته إلا إذا توفرت أعداد كافية من الحيوانات أو النباتات المرغوب دراستها .
الاتزان فى العشائر الكبيرة المتزاوجة عشوائيا :

Equilibrium in large random mating populations

(قانون هاردى - فاينبرج Hardy - Weinkerg law)

إذا فرض وجود عشيرة يتم التزاوج بين أفرادها عشوائيا معى مثل هذه الحالة نعرض أن التكرار الجينى للآليل A هو q وللآليل a هو p - وبذلك يكون توزيع مثل هذه الجينات هو :

$$\begin{array}{ccc} AA & Aa & aa \\ q^2 & 2pq & p^2 \end{array}$$

فإذا تزاوجت هذه الأفراد عشوائيا ، فإن نسبة التراكيب الجينية المختلفة فى الجيل التالى لا بد وأن تساوى تماما النسبة الموجودة فى جيل الآباء - ويعرف ذلك باسم قانون (هاردى - فاينبرج) . ويتوفر الفروض السابق ذكرها ،

يمكن اثبات هذا القانون كالآتي :

♀♀ \ ♂♂	AA (q) ²	Aa (2pq)	aa (p) ²
AA (q) ²	q ⁴	2pq ³	p ² q ²
Aa (2pq)	2pq ³	4p ² q ²	2p ³ q
aa (p) ²	p ² q ²	2p ³ q	p ⁴

ما سبق يلاحظ وجود ٦ تراكيب وراثية مختلفة وأن نسبة الأفراد الناتجة

من مثل هذا التزاوج يمكن توضيحها كالآتي :

طرز التزاوج	نسبة التزاوج	تكرار توزيع النسل		
		AA	Aa	aa
AA x AA	q ⁴	q ⁴	-	-
AA x Aa	4q ³ p	2q ³ p	2q ³ p	-
Aa x Aa	4q ² p ²	q ² p ²	2q ² p ²	q ² p ²
AA x aa	2q ² p ²	-	2q ² p ²	-
Aa x aa	4qp ³	-	2q ² p ²	2pq ³
aa x aa	p ⁴	-	-	p ⁴
Total	1.00	q ²	2pq	p ²

وقد سبق القول أن مجموع كل من p و q تساوى واحدا صحيحا - كذلك يمكن القول أن : $q^2 + 2pq + p^2 = 1$

ومن البيانات السابقة يمكن ملاحظة أنّ مجموع كل من q^2 $2pq$ $= Aa$ AA $=$ و p^2 $= aa$ كله يساوي الواحد الصحيح .

ما سبق يمكن ملاحظته :

أولاً : أنّ حالة الاتزان مستمرة تحت التزاوج العشوائي ويستمر هذا الاتزان في الطبيعة في حالة العشائر كبيرة العدد ، والمتزاوجة عشوائياً ، وأن نسبة التراكيب الوراثية المختلفة في هذه العشيرة تظل ثابتة دون تغيير من جيل لآخر .

ولاثبات ذلك ندرس المثال التالي :

عشيرة تتكون من الافراد الاثية والتي نسبة كل تركيب جيني فيها هي :

AA	Aa	aa
•,•,•	•,•,•	•,•,•

ويمكن إثبات أن مثل هذه العشيرة في حالة الاتزان كالاتى :

	AA q^2 q \cdot, \cdot, \cdot	$2 Aa$ $2 pq$ \cdot, \cdot, \cdot	aa p^2 p \cdot, \cdot, \cdot
$AA (q^2) \cdot, \cdot, \cdot$ $2Aa (2pq) \cdot, \cdot, \cdot$ $aa (p^2) \cdot, \cdot, \cdot$	$q^4 = \cdot, \cdot, \cdot, \cdot$ $2pq^3 = \cdot, \cdot, \cdot, \cdot$ $p^2 q^2 = \cdot, \cdot, \cdot, \cdot$	$2pq^3 = \cdot, \cdot, \cdot, \cdot$ $4p^2 q^2 = \cdot, \cdot, \cdot, \cdot$ $2p^3 q = \cdot, \cdot, \cdot, \cdot$	$p^2 q^2 = \cdot, \cdot, \cdot, \cdot$ $2p^3 q = \cdot, \cdot, \cdot, \cdot$ $p^4 = \cdot, \cdot, \cdot, \cdot$

يتضح من البيانات السابقة وجود ٦ تراكيب وراثية مختلفة بين ال ٩ تراكيب الموجودة في الجدول وتكون التراكيب الوراثية لآبناء هذه الافراد هي :

التركيب الجيني للآبناء			نسبة التزاوج Frequency of mating	طراز التزاوج Type of mating
aa	Aa	AA		
		$= q^4$	$0.0016 = q^4$	AA x AA
		$= 2q^3 p$	$0.0256 = 4q^3 p$	AA x Aa
	$= 2q^2 p^2$	$= q^2 p^2$	$0.1024 = 4q^2 p^2$	Aa x Aa
$= q^2 p^2$	$= 2p^2 q$		$0.0512 = 2p^2 q$	AA x Aa
	$= 2qp^3$		$0.0416 = 4qp^3$	Aa x aa
$= 2qp^3$			$0.0416 = p^4$	aa x aa
$= p^4$				
$0.16 = p^2$	$0.32 = 2pq$	$0.04 = q^2$	1.0000	المجموع

من ذلك يتضح أن : $p^2 + 2pq + q^2 = 1$
طريقة مبسطة لاثبات القانون :

ويمكن وضع القانون السابق شرحه في وضع آخر ، وهي أن تكون المجموعة في حالة اتزان جيني إذا كانت نسبة الافراد الخلية (H) الى الجذر التربيعي لحاصل ضرب كل من نسبة الافراد الاصلية (R) و (P) مساويا ل ٢ ويتضح ذلك من المثال السابق .

$$\frac{H}{\sqrt{D \times R}} = 2$$

أى أن :

$$0.32 = \frac{0.32}{\sqrt{0.16 \times 0.4}} = \frac{0.32}{\sqrt{0.064}}$$

وبذلك يمكن القول أنه في حالة الاتزان الجيني للعشيرة ومهما كانت قيمة كل من p و q فلا بد أن تكون النسبة المتحصل عليها من المعادلة السابقة تساوى ٢

كما يمكن وضع المعادلة السابقة في صورة أخرى وهى :

$$H^2 = 4 RD$$

أى أن :

$$(0.32)^2 = 4 (0.16 \times 0.4) \quad \text{أى مربع تكرار الأفراد الخليطة}$$

$$= 4 \text{ أضعاف تكرار الأصيلية } \times \text{ الأصيلية } .$$

$$\text{أى أن : } 0.1024 = 0.1024$$

ملحوظة : يجب ملاحظة أن نسبة الأفراد غير المتماثلة (الخليطة) فى التركيب الوراثى لجميع الأفراد المتزاوجة عشوائيا لا يمكن أن تزيد عن ٥٠% ويمكن تلخيص ما سبق ذكره فى أن مثل هذه النظرية تقول أن أفراد أى عشيرة ذات تركيب جينى aa و Aa و AA ونسبة ذلك هو : p^2 و $2pq$ و q^2 على التوالى - يكون مجموع هذه النسب واحداً صحيحاً ويبقى ذلك ثابتاً فى الأجيال المتعاقبة إذا تزاوجت هذه الأفراد عشوائيا .

ثانياً : القاعدة الثانية في هذه النظرية تقول أنّ حالة الاتزان يمكن الوصول إليها بعد جيل واحد إذا كان التزاوج عشوائياً بغض النظر عن نسبة التراكيب الوراثية في مجموعة الأفراد الأصيلة . ولهذا الغرض وتطبيقاً لذلك إذا وُجِدَت عشيرة تركيبها الوراثي كالآتي :-

نسبة التراكيب الوراثية :
 وبنّا على ذلك فإن :
 و
 ونسبة التزاوج تكون كالآتي :

	AA ٠.١	Aa ٠.٢	aa ٠.٧
AA (٠.١)	٠.٠١	٠.٠٢	٠.٠٧
Aa (٠.٢)	٠.٠٢	٠.٠٤	٠.١٤
aa (٠.٧)	٠.٠٧	٠.١٤	٠.٤٩

وتكون نسب النسل الناتج في الجيل التالي كما هو موضح في الجدول المبين في الصفحة التالية :

الابناء (النسل)			النسبة	التزاوج
AA	Aa	aa		
٠.٠١	—	—	٠.٠١	AA x AA
٠.٠٢	٠.٠٢	—	٠.٠٤	AA x Aa
٠.٠١	٠.٠٢	٠.٠١	٠.٠٤	Aa x Aa
—	٠.١٤	—	٠.١٤	AA x aa
—	٠.١٤	٠.١٤	٠.٢٨	Aa x aa
—	—	٠.٤٩	٠.٤٩	aa x aa
٠.٠٤	٠.٣٢	٠.١٤	١.٠٠	المجموع

وبذلك يمكن مشاهدة أن أفراد نسل هذه المجموعة في حالة اتزان وهذه تبقى ثابتة في الأجيال التالية .
وهناك طريقة مبسطة أو مختصرة يمكن عن طريقها الوصول إلى نفس النتائج :

إذا فرض وجود مجموعة من الأفراد تراكيبها الوراثية هي AA, Aa, aa وأن نسبة هذه التراكيب هي ٠.٧٠ : ٠.٢٠ : ٠.١٠ على التوالي ، من ذلك يكون التوزيع التكراري للجين A في هذه المجموعة هو ٠.٢ والتوزيع التكراري للجين a هو ٠.٨ وعند تكوين الجاميطات في حالة

التزاوج العشوائى نحصل على النتائج التالية :

		A	a
		٠.٢٠	٠.٨٠
A	٠.٢٠	٠.٠٤	٠.١٦
a	٠.٨٠	٠.١٦	٠.٦٤

وعلى ذلك تكون نسب التراكيب الوراثية فى أفراد الجيل التالى هـى :

AA	Aa	aa
٠.٠٤	٠.٣٢	٠.٦٤

وهذه النتائج مطابقة تماما لما أمكن الحصول عليه من تطبيق الطريقة المطولة . ولا حظ فى قانون هاردي - فاينبرج أنه من السهولة بمكان تطبيقه فى الحالات الوراثية الثلاث وهى : سائد أصيل ، خليط ومقنح . وهناك خاصيتان هامتان للعشيرة المندلية المتزنة ، وهما كما يتضح من الرسم البيانى التالى (شكل ٢-١) :

(١) تكرار الأفراد الخليطين لا يمكن أن يزيد عن ٥٠ % وهذه القيمة

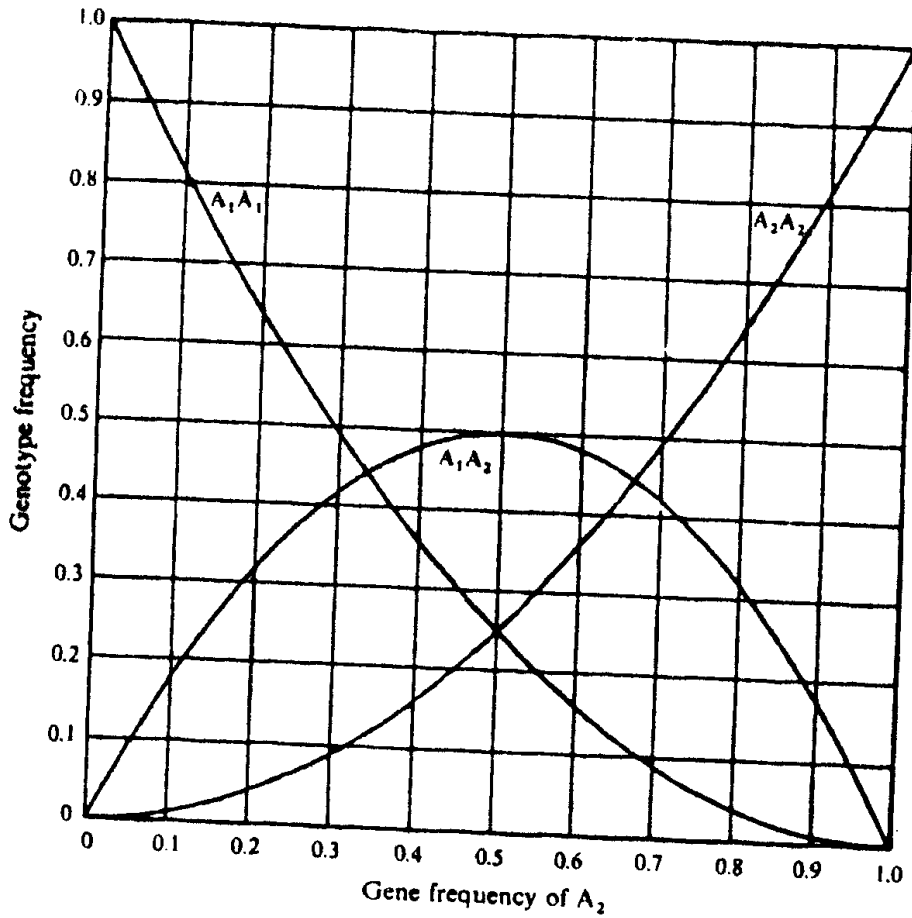
القصوى تحدث عندما تكون التكرارات الجينية : $p = q = 0.5$

(٢) عندما يكون التكرار الجينى لأليل ما منخفضا ، فإن الأليل النادر

يتواجد بدرجة كبيرة فى الأفراد الخليطين ويكون تكرار الأفراد

الأصليين منخفضا جدا . وهذه الخاصية لها تأثيرات هامة

على مدى فعالية الانتخاب كما سنرى فيما بعد .



شكل (٢-١) : العلاقة بين تكرارات الطرز الجينية و التكرار الجيني
لاليلين في عشيرة في حالة اتزان هاردي - فاينبرج .

تطبيقات على التكرار الجيني في العشائر المختلفة :

في الأجزاء السابقة تعاملنا مع التكرار الجيني بطريقة رياضية -
وعرفنا كيف يمكن لسلماء الوراثة والباحثين في هذا الحقل تطبيق ذلك
عمليا . والان ، دعنا نعرض بعض هذه التطبيقات .

أولا : التنبؤ المباشر :

نعتبر حالات السيادة غير التامة من الحالات السهلة التي يمكن

فيها استعمال نظرية التكرار الجيني وتطبيقها مباشرة على البيانات المتحصل عليها كما اتضح في المثال السابق شرحه عن وراثة اللون في ماشية الأبرشاير حيث يمكن التمييز مظهرها بين الألوان الثلاثة ذات التراكيب الوراثية المختلفة .

نفس الشيء ينطبق في حالة السيادة الموزايقية . فمثلا مجاميع الدم في الإنسان من النوع MN خير مثال أيضا للتطبيق المباشر ، حيث يمكن تقسيم مجموعة دم الإنسان هذه إلى ثلاثة فصائل وذلك تبعاً لوجود الانتجين M فقط ، أو وجود M ، N ، أو وجود N فقط وذلك في خلايا الدم الحمراء . فقد أظهرت الدراسات الوراثية أن مجاميع الدم M-N يتحكم فيها زوج واحد من الجينات المحمول على الأتوسومات (الكروموسومات الجسمية) واحد هذه الأليلات A وهو يسبب ظهور الانتجين M ، بينما الأليل a يسبب ظهور الانتجين N ، وأنه لا توجد سيادة بين هذه الأليلات (سيادة غائبة أو موزايقية) . وبذلك نجد أن الأفراد الخليطة Aa تحتوي على الانتجينين N و M وأن الأفراد الأضيلة للعامل A تكون من المجموعة M والأفراد الأضيلة للعامل a تكون المجموعة N .

أجرى Ride (١٩٣٩) اختبار الدم لأكثر من ١٠٠٠ شخص فوجد النتائج التالية :

مجموعة الدم	:	N	MN	M	المجموع
التركيب الوراثي	:	aa	Aa	AA	
الاعداد المشاهدة	:	١٨٧	٥٠٠	٣٤٢	١٠٢٩
النسبة المشاهدة	:	٠.١٨١٧	٠.٤٨٥٩	٠.٣٣٢٤	١.٠٠٠

فإذا رمزنا للجين A بالحرف q وهو الذى يتسبب فى وجود الانتجين M و m وللجين a بالرمز p وهو المسئول عن وجود الانتجين N فتكون قيمة كل من q و p فى هذه المجموعة كالآتى :

$$q = 0.3324 + (0.4809) \frac{1}{4} = 0.5753$$

$$p = 0.1817 + (0.4809) \frac{1}{4} = 0.4247$$

من ذلك يمكن حساب النسبة النظرية لكل مجموعة دمية كالآتى :

المجموع	q^2	$2pq$	p^2	
١٠٠٠٠	٠.٣٣١٠	٠.٤٨٨٦	٠.١٨٠٤	النسبة النظرية
١٠٢٩٠٠	٣٤٠.٦٠	٥٠٢.٨٠	١٨٥.٦٠	عدد الأفراد المتوقع
١٠٢٩٠٠	٣٤٢	٥٠٠	١٨٧	العدد الواقع

ومقارنة نسبة الأفراد فى كل مجموعة بالنسبة النظرية التى حصلنا

عليها - وتطبيق مربع كاي χ^2 - نجد أن قيمة مربع كاي تساوى ٠.٣٢
لدرجة الحرية ١ من ذلك نجد توافقاً تاماً بين أفراد كل مجموعة وتلك
المتوقع الحصول عليها (لحساب مربع كاي يرجع إلى كتب الاحصاء الوراثى) .

طريقة أخرى :

يمكن للباحث الوصول إلى نفس النتائج باتباع الطريقة التالية :

فإذا فرض أن D تمثل التركيب الوراثى AA و R تمثل aa فالجذر التربيعى
لقيمة D يمثل تكرار الجين A والجذر التربيعى لقيمة R يمثل تكرار
الجين a وعلى هذا الأساس يمكن القول أن :

$$\sqrt{D} + \sqrt{R} = 1$$

فمثلا فى مثال مجموعة الدم السابق شرحها نجد أن :

$$q = \sqrt{D} = \sqrt{0.3324} = 0.5765$$

$$p = \sqrt{R} = \sqrt{0.1817} = 0.4263$$

المجموع = 1.0028

هنا نجد أن مجموع الجذر التربيعى لكل من q^2 و p^2 يزيد بمقدار 0.0028 عن الواحد الصحيح - لذلك يجب إجراء اختبار إحصائى لمعرفة ما اذا كان مثل هذا الفرق معنويا أم لا ؟

وفى هذا المجال أعطى العالم Weiner قِيَمَ (1945) معاملا

انحراف لمثل هذا الفرق من المعادلة التالية :

$$Q = \frac{1}{2\sqrt{N}}$$

حيث Q = معامل الانحراف

N = عدد الأفراد المختبرة

$$\text{فمن النتائج السابقة نجد أن معامل الانحراف} = \frac{1}{1.029\sqrt{2}} = 0.156$$

من ذلك يمكن إثبات أن الفرق السابق ملا حظته وهو 0.0028 يبين النتيجة المتحصل عليها والواحد الصحيح - يكون فرقا غير معنوى لأن ضعف الفرق أقل من معامل الانحراف

(معامل الانحراف = ضعف الفرق)

أى أن نتائج المثال السابق تنطبق تماما مع النظرية .

مثال آخر (١) :

وجد كل من ريس وسانجر Race & Sanger (١٩٥٤) أنّ مجموعة الدم M-N في عينة مكونة من ١٢٧٩ شخصا من إنجلترا كانت كالآتية :

الجموع	الجين		مجموعة الدم			
	M	N	M	MN	N	
١ =	٥٣,١٦	٤٦,٨٤	٢٨,٣٨	٤٩,٥٧	٢٢,٥	النسبة المتوقعة % :
			٣٦٣	٦٣٤	٢٨٢	العدد (١٢٧٩) :
			٢٨,٢٧	٤٩,٨٠	٢١,٩٣	النسبة المشاهدة % :
			٣٦١	٦٣٧	٢٨١	العدد (١٢٧٩) :

بتطبيق المعادلة الموضحة في المثال السابق - نجد أن قيمة مربع كاي ضئيلة للغاية (عند درجة حرية ١) - أي أنه يوجد توافق كامل بين المشاهد والمتوقع في أعداد كل مجموعة .

كذلك من اختبار طريقة الجذر التربيعي : $D = MM$, $R = NN$ نجد أن :

$$\sqrt{D} + \sqrt{R} = 1$$

$$q = \sqrt{D} =$$

$$p = \sqrt{R} =$$

$$\sqrt{0.28265} = 0.5316$$

$$\sqrt{0.21935} = 0.4683$$

المجموع ١.٠٠٠

أي أن مجموع الجذر التربيعي لكل من q^2 و p^2 يقل بقدر ٠.٠٠١ عن الواحد الصحيح - ولا جراه الاختبار الاحصائي لمعرفة إذا ما كان هذا

الفرق معناها أم لا - نطبق المعادلة :

$$Q = \frac{1}{2\sqrt{n}} = \frac{1}{2\sqrt{1279}} = \frac{1}{2 \times 35.76} = \frac{1}{71.53} = 0.014$$

أى أن الفرق السابق وهو ٠.٠٠١ غير معنوى - حيث أن ضعف الفرقى
ما زال أقل بكثير من معامل الانحراف Q ٠ ومن ثم فالمعشيرة فى حالة
اتزان وراثى .

مثال آخر (٢) :

وجد أن صفة انعدام تكوين مادة الميلانين (صفة الألبينو albinism)
فى الانسان تقع تحت السيطرة الجينية لعامل وراثى واحد متحى ، وقع
هذا الجين على الكروموسومات الجنسية . وقد وجد شترن Stern
(١٩٤٩) أن نسبة ظهور الصفة هى ١ فى كل حوالى ٢٠٠٠٠ شخص .
ما هى نسبة الأفراد الخليطين heterozygotes المتوقعة ؟
- إذا فرض أن p هى نسبة جين الألبينو :

$$\therefore p^2 = \frac{1}{2000} \quad \therefore p = \sqrt{\frac{1}{20000}} = \frac{1}{141}$$

$$2p - 2p^2 = 2p(1 - p) = \quad \therefore \text{نسبة الأفراد الخليطين}$$

$$2 \left(\frac{1}{141} \right) - 2 \left(\frac{1}{141} \right)^2 = \frac{1}{70}$$

من ذلك يتضح أن شخصا واحدا فى كل ٧٠ شخص غير ألبينو يكون خليط
التركيب الوراثى .

مثال (٣) :

فى ماشية الأيرشاير فى بريطانيا يوجد جين محمول على أحسنـد

الكروموسومات الجسمية يسبب موت المجهول حديثة الولادة . وقد وجد
أن نسبة ظهور هذا المرض الوراثي هو ١ في كل ٣٠٠ عجل . ومن الممكن
التخلص من هذا الجين الضار بواسطة عدم استعمال الطلائق التي تحمل
هذا الجين في تركيبها الوراثي - لذلك كان من الضروري معرفة نسبة

الطلائق الخليطة لهذا الجين .

من البيانات السابقة نجد أن :

$$p^2 = \frac{1}{300} = 0.0033$$

$$p = \sqrt{\frac{1}{300}} = 0.057$$

$$2p(1-p) = 0.11$$

نستنتج أنه يوجد طليقة واحدة غير متخالفة التركيب الوراثي في كل ١٠
طلائق .

ولا حظ في بعض التجارب الوراثية أن النتائج المتحصل عليها قد
لا ينطبق عليها قانون هاردي - فاينبرج ، كما يتضح من المثال التالي
والذي أجرى لاختبار مجموعة الدم MN في الإنسان في عينة من الأفراد
عددها ٣٠٠ شخص .

مثال (٤) :

M	MN	N	مجموعة الدم
AA	Aa	aa	التركيب الوراثي :
٣٠٠	١٥٠	٦٠	الاعداد المشاهدة :
١	٠.٥٠	٠.٢٠	النسبة المشاهدة :

ويمكن حساب النسب المتوقع الحصول عليها وكذلك الأعداد كالتالي :

$$\text{تكرار الجين } A = p = 0.50 + 0.15 = 0.65$$

$$\text{تكرار الجين } a = q = 0.21 + 0.15 = 0.35$$

٠٠ بتطبيق الطريقة المبسطة كالتالي :

		A	a
		0.65	0.35
A	0.65	0.4225	0.2275
a	0.35	0.2275	0.1225

ملحوظة : درجات الحرية = عدد الفئات - عدد الأليات

$$\text{٠٠ النسبة المتوقعة : } 0.4225^M \quad 0.4500^{MN} \quad 0.2225^N$$

$$\text{الأعداد المتوقعة : } 36.75 \quad 136.50 \quad 126.75$$

$$\text{بالمقارنة بالقيم المشاهدة : } 60 - 10 - 150 = 300$$

ونتطبيق مربع كاي نجد أن قيمته = 3.4 عند درجة حرية 1 (3 - 2 = 1)

من ذلك يمكن القول أن هذه العشرة لا ينطبق عليها قانون هاردي فاينبرج

وباستعمال طريقة فينر (Weiner) (1935) نجد أن :

$$\begin{aligned} \sqrt{D} + \sqrt{R} &= 1 \\ \sqrt{D} &= \sqrt{0.50} \\ q = \sqrt{D} &= \sqrt{0.50} = 0.71 \\ p = \sqrt{R} &= \sqrt{0.20} = 0.45 \\ &= 1.16 \end{aligned}$$

المجموع =

∴ مجموع الجذر التربيعي لكل من q و p يزيد بمقدار ٦ أضعاف عن

الواحد الصحيح .

$$Q = \frac{1}{2\sqrt{N}} = \frac{1}{2\sqrt{300}} = \text{معامل الانحراف} \\ = \frac{1}{2 \times 17.32} = \frac{1}{34.64} = 0.029$$

∴ ضعف الفرق ١٦ × ٢ = ٣٢ أضعاف أكبر من معامل الانحراف = ٢٩ أضعاف .

ومن ثم فالمعيرة ليست في حالة اتزان وراثي .

∴ هذه المعينة لا ينطبق عليها قانون هاردي - فاينبرج للأسباب الآتية:

(١) عدد المعينة المستعملة صغير جداً .

(٢) قد لا يكون التزاوج عشوائياً بين الأباء .

(٣) لا بد أن يكون هناك تربية داخلية (Inbreeding) بين

الأفراد المختبرة - ويستنتج ذلك من كون الأفراد الخليطة (غير

المتخالطة وراثياً) قليلة العدد بالنسبة للأفراد المتخالطة .

التكرار الجيني في حالة الأليلات المتعددة

Gene Frequency with multiple alleles

تناولنا في الأجزاء السابقة التكرار الجيني في حالة وجود الأليلين اثنين فقط لموقع وراثي واحد . ولكن في كثير من صفات الكائنات الحية نجد أن بعض المواقع الجينية تشملها سلسلة الأليلية بها أكثر من الأليلين ، مثلاً أواربع أو خمس الخ الأليلات لنفس الصفة المتحكم فيها الجين . فكيف يمكن في هذه الحالة حساب التكرارات الجينية وتكرارات التراكيب الوراثية

genotypes وتحرير ما اذا كانت العشيرة في حالة اتزان وراثي
genetic equilibrium أم لا ؟ في حقيقة الأمر توجد ثلاث حالات :
أولاً : اذا كان المطلوب معرفة تكرارات الطرز الجينية المحددة باليسل
واحد فقط - مثلاً A_1 ، ففي هذه الحالة نفترض أن تكرار A_1 هو p
ونجمل تكرارات الأليلات الأخر كلها معا في هذا الموضع
(مثلاً : A_2, A_3, \dots, A_n) في تكرار واحد وليكن q . ففي
هذه الحالة يكون تكرار التوازن ماثلاً تماماً لحالة اليلين وهي :

$$p^2 A_1 A_1 + 2pq A_1 a_2 \dots n + q^2 A_2 \dots n A_2 \dots n$$

والحد الأخير من المعادلة سوف يتكون من عدد من التراكيب الوراثية
الخليطة ، ولكن طالما أننا بهنا هنا التراكيب الوراثية الخاصة باليسل
 A_1 منسوبة لكل الأليلات الأخر ، فإنه لا يعنينا إلا التراكيب المحددة
لذلك .

ثانياً : اذا كان المطلوب معرفة قيم التوازن للتراكيب الجينية لأليلين
اثنين فقط - مثلاً A_1, A_2 - بتكرارات هي q_1, q_2 - فإن قيم

تكرارات التوازن لهذه التراكيب سوف تتبع المعادلة :

$$q_1 A_1 A_1 + 2q_1 q_2 A_1 A_2 + q_2^2 A_2 A_2$$

ولما كانت $q_1 + q_2$ لا تساوي واحداً لوجود بقية الأليلات الأخر ،
فإن التكرار الكلي للتراكيب الجينية الثلاثة سوف لا يساوي أيها الواحد
الصحيح .

ثالثا : إذا كان المطلوب معرفة قيم التوازن للتراكيب الوراثية لثلاثة أليلات
أو أكثر ، ففي هذه الحالة سوف نعتبر التكرار الأليلي لكل أليل على
حده كحد من حدود مفكوك المعادلة متعددة الحدود (multinomial distribution)
على سبيل المثال - لو فرضنا وجود ثلاثة أليلات
لموقع واحد ولتكن A_1, A_2, A_3 بتكرارات قدرها p, q, r على
التوالي - لذلك نجد أن : $p + q + r = 1$

وشرتب على ذلك أنه يمكن تحديد تكرارات التوازن للطرز الجينية
على أساس مفكوك المعادلة ذات الثلاثة حدود trinomial distribution
ومن ثم تكون تكرارات الطرز الجينية كالآتى :

$$p^2 A_1 A_1 + 2pq A_1 A_2 + 2pr A_1 A_3 + q^2 A_2 A_2 + 2qr A_2 A_3 + r^2 A_3 A_3 = 1$$

هنا على ذلك ، ولما كانت كل جامطة أحادية التركيب الوراثية
تحتوى فقط على أليل واحد لائى موقع جينى ، فإنّ التوافق الزيجوتية
بين هذه الجامطات الأحادية سوف تتوقف على تكرارات هذه الأليلات - كما
يتضح من الشكل التالى .

ولمى جميع الحالات الثلاث التى سبق ذكرها - نجد أن حالة الاتزان
يمكن الوصول إليها عقب جيل واحد فقط من التزاوج العشوائى ، فإذا كانت
تكرارات الأليلات هى : $p = 0.2, q = 0.5, r = 0.3$
فان تكرارات التراكيب الوراثية سوف تكون :

	$p(A_1)$.2	$q(A_2)$.3	$r(A_3)$.3
$p(A_1)$.2	$p^2(A_1A_1)$	$pq(A_1A_2)$	$pr(A_1A_3)$
$q(A_2)$.3	$pq(A_1A_2)$	$q^2(A_2A_2)$	$qr(A_2A_3)$
$r(A_3)$.3	$pr(A_1A_3)$	$qr(A_2A_3)$	$r^2(A_3A_3)$
Total:	$p^2 A_1A_1 + 2pq A_1A_2 + 2pr A_1A_3 + q^2 A_2A_2 + 2qr A_2A_3 + r^2 A_3A_3$		

تكرارات التراكيب الوراثية المتكونة تحت ظروف التزاوج العشوائي في حالة وجود ثلاثة أليلات للجين .

وبصورة أخرى اذا فرض وجود ثلاثة أليلات لموقع جيني هي A, a', a فتبعاً لذلك ينتج لدينا 6 تراكيب وراثية مختلفة ، ثلاثة متماثلة وثلاثة غير متماثلة . فإذا رمزنا لكل من الأليلات A, a', a بالرموز p, q, r فيكون : $p + q + r = 1$. وبناءً على ذلك تكون التراكيب الجينية لعشيرة متزنة ، والتزاوج بين أفرادها عشوائي هي :

أصيل (متماثل)	خليط (غير متماثل)	المجموع
AA	Aa' Aa $a'a$	Aa' Aa $a'a$
aa		
النسبة	p^2 q^2 r^2	$2pq$ $2pr$ $2qr$
		$1 =$

ومن الممكن معرفة أن مثل هذه العشيرة في حالة اتزان إذا درس الـ

٣٦ تزاوجا الممكنة بين الافراد ذات التركيب الجيني السابق ، ومعرفه الجاهيزات وتنطبق البيادى الاساسية التى ذكرت سابقا يمكن معرفه ان هذه العشيرة فى حالة اتزان ام لا .

ملحوظة : عدد التلقيحات الممكنة = $\frac{\text{عدد التركيب الوراثية} \times \text{عدد التركيب}}{2}$

فى اتجاه واحد = ١٨

واذا لم تكن هذه العشيرة فى حالة اتزان ، فيمكن الوصول الى ذلك بعد جيل واحد من التزاوج العشوائى . وفى حالة وجود سلسلة البلية ونجد مثلا ان نسبة الجين A هى عبارة عن مجموع A فى الافراد ذات التركيب AA مضافا اليه نصف التركيب الجينى للافراد Aa ونصف التركيب للافراد Aa . وبالمثل يمكن الحصول على نسبة الاليلات الأخرى . ولتوضيح ذلك ندرس المثال التالى :

إذا رمز للكروموسومات المتشابهة بالحروف : A , a' , a بدلا من الجينات ، فإنه يمكن تحليل النتائج التى حصل عليها د ويزهانسكى وكويل (١٩٣٨) .

فقد أجرى هذان العالمان دراسة على الكروموسوم الثالث فى الدروسوفلا حيث ان هذا الكروموسوم سهل التمييز عن باقى الكروموسومات الأخرى .

أخذت عينات عشوائية من هذه الذبابة من إحدى الغابات المنعزلة وتم دراسة الكروموسوم الثالث بها من ناحية تركيب الجينات عليه . ولقد وجد ثلاثة نماذج مختلفة عرفنا ها كالآتى :

A	=	Standard	متاندر
a'	=	Arrowhead	أورهييد
a	=	Chiricahua	شيريكافا

وتبعاً لذلك توجد ٦ نماذج مختلفة بين أفراد هذه الحشرات زوجية المجموعة الكروموسومية ، وفيما يلي بعض النتائج التي تحسلاً عليها :

النسبة	عدد الحشرات التي اختبرت	كروموسوم رقم ٢
٠.١٠٤٣	١٢	Both Standard AA
٠.٢٣٤٨	٢٧	Both Arrowhead a'a'
٠.٢٦١	٣	Both Chiricahua aa
٠.٣١٣٠	٣٦	Stand./ Arrowh. Aa'
٠.٨٧٠	١٠	Stand./ Chiric. Aa
٠.٢٣٤٨	٢٧	Arrowh./ Chiric. a'a

المجموع ١١٥ ١٠٠٠٠

وطبقاً لما سبق ذكره ، نجد نسبة التكرار لهذه الكروموسومات كالآتي :

٠.٣٠٤٣	= p =	A = متاندر
٠.٥٠٨٧	= q =	a' = أورهييد
٠.١٨٧٠	= r =	a = شيريكافا
١٠٠٠٠	المجموع	

وباستعمال هذه النتائج لتكرار الكروموسومات يمكن إيجاد النسبة النظرية المتوقع الحصول عليها وأنواع النماذج للذباب الحامل لمثل هذه

الكروموسومات كالآتى :

التركيب الجينى	النسبة النظرية	المدد المتوقع
$(p^2) AA$	٠,٩٢٦	١٠,٦٥
$(q^2) a'a'$	٠,٢٥٨٨	٢٩,٧٦
$(r^2) aa$	٠,٣٥٠	٤,٠٢
$(2pq) Aa$	٠,٣٠٩٦	٣٥,٦٠
$(2pr) Aa'$	٠,١١٣٨	١٣,١٠
$(2qr) a'a'$	٠,١٩٠٢	٢٨,٧٠

وسقارنه القيم المشاهدة بالقيم النظرية - وجد أن مربع كاي = ١٢,٦٣ عند درجات الحرية = ٣ ، وقيمة الاحتمال $P.value$ أقل من ٠,٠٥ (اختلاف غير معنوى) .

ملحوظة : عدد درجات الحرية = عدد الفئات - عدد الأليات = ٦ - ٣ =

٣ . ومن ذلك أثبت هذان العالمان وجود علاقة تامة بين الأعداد التى حصلوا عليها فعلا والأعداد المتوقع الحصول عليها نظريا .
وبذلك أثبتا أن مثل هذه الأفراد من العشيرة تحت الدراسة
فى حالة اتزان تام وأن التزاوج بين هذه الأفراد يتم عشوائيا - أى أن قانون هاردي - وينبرج ينطبق عليها .

علاقة السيادة بالتكرار الجينى فى حالة الأليات المتعددة :

إذا وجدت سيادة غير تامة بين الأليات A, a', a من ذلك

يمكن ملاحظة وجود ٦ أشكال مظهرية مختلفة ومن السهولة بمكان إيجاد التكرار الجيني لمثل هذه الحالة . لكن في كثير من الحالات تكون السيادة التامة سببا في إخفاء كثير من التراكيب الوراثية . فقد توجد أفراد ذات شكل مظهرى متماثل لكنها تختلف في تركيبها الجيني . فإذا فرض أن الجين A سائد على كل من a' و a وأن الجين a' سائد على a ففي هذه الحالة يمكن مشاهدة ثلاثة أشكال مظهرية. ومن الحالات التي درست في هذا المجال وراثته اللون في الأرانب.

اللون الكلى AA , Aa' , Aa : Full colour
هيمالايا a'a' , a'a : Himalayan
البينو aa : Albino

فإذا كان كل من الجينين A و a' سائدين على الجين a وأن كلا من A و a' ليس بينهما سيادة ، فعلى هذا الأساس توجد أربعة أشكال بدلا من ثلاثة .
وخير مثال يوضح ذلك هو مجاميع الدم A - B - Q في الإنسان .
هذه المجاميع تخضع للسيطرة الجينية لجين واحد ذي ثلاثة أليلات هي :

A ينتج الأنثجين	A و a' لا توجد بينهما سيادة
a' ينتج الأنثجين	بينما A و a' يسودان سيادة
a لا يكون انتيجينات	تامة على a .

وبذلك يمكن الحصول على أربعة أشكال مظهرية هي A, B, AB و O وعند تطبيق نظرية التكرار الجيني على هذه الحالة نجد أن :

A	ترمز للعامل	p
a'	ترمز للعامل	q
a	ترمز للعامل	r

وكما سبق الذكر فإن مجموع p, q, r يساوى واحداً صحيحاً ، من ذلك يتضح وجود أربع مجاميع دم ناتجة من هذه الآليات الثلاثة :

<u>النسبة</u>	<u>الشكل المظهرى</u>	<u>التركيب الوراثى</u>
r^2	مجموعة O	aa
$p^2 + 2pr$	مجموعة A	AA, Aa
$q^2 + 2qr$	مجموعة B	$a'a$
$2pq$	مجموعة AB	Aa

المجموع = $r + p + q = 1$

فإذا أمكن معرفة أنواع مجاميع الدم لعشيرة ما ، فإنه يمكن إيجاد نسب العوامل الوراثية كالاتى :

مثال : البيانات التالية توضح التركيب الوراثى لمجموعات الدم ABO والقيم المتوقعة لكل من p, q, r والنسب المشاهدة فى عينة حجمها ١٧٧.١٩٠ من رجال القوات الجوية البريطانية (عن ريس وسنجر عام ١٩٥٤) :

(التركيب الوراثي)	AA	AO	BB	BO	OO	AB
مجموعة الدم	A		B		O	AB
التكرار المتوقع	$p^2 + 2pr$		$q^2 + 2qr$		r^2	$2pq$
التكرار المشاهد %	41.716		8.560		46.684	3.040

ولقد أوضح العالم كابليني ومعاونوه عام ١٩٥٥ طريقة مبسطة للحصول على التكرار الجيني $i(O)$ وهو الجذر التربيعي لتكرار المجموعة O كالآتي:

$$B + O = q^2 + 2qr + r^2 = (q + r)^2 = (1 - p)^2$$

$$p = 1 - \sqrt{B + O} = A$$

حيث \bar{B} و \bar{O} هي تكرار المجموعات B و O على التوالي ومن ثم نجد

$$q = 1 - \sqrt{\bar{A} + \bar{O}} = B \text{ and } r = \sqrt{\bar{O}} = i$$

وباستعمال هذه الطريقة نجد أنَّ التكرارات الجينية هي:

$$(A = p = 0.2567) + (B = q = 0.0599) + (i = r = 0.6834) = 1$$

والمثال التالي يوضح ما سبق:

في اختبار المجموعة الدموية لـ ٦٠٠٠ شخص وجدت النتائج التالية:

النسبة	العدد المختبر	مجموعة الدم
٠.٣٠٧٦٧	١٨٤٦	O
٠.٣٢٠٠١	١٩٢٠	A
٠.٢٧١١٦	١٦٢٧	B
٠.١٠١١٦	٦٠٧	AB
١.٠٠٠٠٠	٦٠٠٠	المجموع

وتطبيق المعادلات السابقة نجد أنَّ تكرار هذه الآليات هو :

$$0.239189 = \sqrt{0.57883} - 1 = p = A = B + O$$

$$0.207746 = \sqrt{0.62766} - 1 = q = a' = A + O$$

$$0.554677 = \sqrt{0.30766} = r = a = O$$

المجموع ١.٠١٦١٢

وهذا الفرق عن الواحد الصحيح غير كبير ويمكن بطرق احصائية اثبات عدم

معنويته .

التوازن الوراثي في العشائر في حالة وجود

أكثر من موقع جيني واحد

Equilibrium with more than one locus

إنَّ الوصول إلى حالة التوازن في العشيرة خلال جيل واحد من التزاوج العشوائي تطبق تماما طالما أخذنا في الاعتبار كل موقع جيني على حدة ، دون النظر لما يحدث في المواقع الجينية الأخرى . أما إذا أخذنا في الاعتبار مواقع موقعين وراثيين مختلفين ، ونعزل كل منهما مستقلا عن الآخر ، فسي آن واحد ، مثلا $A - a$ و $B - b$ فإنَّ عدد الطرز الجينية في العشيرة سوف يتزايد إلى $3^2 = 9$ ، وهي

(AABB , AABb , AaBB , AaBb , aaBB.....etc.)

وكما هو متوقع تتزايد حدود مفكوك المعادلة متعددة الحدود multinomial

فإذا فرضنا الرموز التالية لتكرارات الجينات A, a, B, b ، p, q, r, s

فإنَّ نسب الاتزان لتراكيبها الجينية يمكن التعبير عنها بالمعادلة التالية :

$$(pr + ps + qr + qs)^2 = 1$$

وبأسلوب آخر كالآتى :

$$p^2 r^2 (AABB), 2p^2 rs (AAE\bar{b}), 2p^2 s^2 (AAbb), 2pqr^2 (AaBE), \\ \dots\dots\dots q^2 s^2 (aabb) = 1$$

وتعتمد معادلة التوازن هذه على الحدود :

$$pr, ps, qr \text{ and } qs$$

وهى تكرارات التوازن للجاميطات : $AE, Ab, aE, \text{ and } ab$

وعندما تكون تكرارات هذه الجاميطات فى حالة اتزان ، فإن تكرارات التوازن للطُرُز الوراثية فى العشيرة تكون أيضا فى حالة اتزان .

وعندما يحدث اختلال فى التوازن الوراثى للعشيرة عند دراسة موقعين وراثيين فى آن واحد ، فإن سرعة استرداد حالة التوازن تتوقف على كون الجينات مستقلة التوزيع أو مرتبطة مع بعضها فى نفس الكروموسوم .

أولا : عندما تكون المواقع مستقلة عن بعضها :

عندما يكون كل موقع جينى محمولا فى كروموسوم مختلف عن الآخر فى هذه الحالة نجد أن تكوين الجاميطات يكون بنسب متساوية كالآتى :

A	B	→	AE	$\frac{1}{4}$	= %٢٥
	b	→	Ab	$\frac{1}{4}$	= %٢٥
a	B	→	aE	$\frac{1}{4}$	= %٢٥
	b	→	ab	$\frac{1}{4}$	= %٢٥

فإذا بدأنا بعشيرة بالتراكيب الوراثية الخليطة ($AaBb \times AaBb$)

وكانت تكرارات الجينات فيها متساوية (أى $p = q = r = s = 0.5$) ، فإن أنواع الجاميطات الأربع (AB, Ab, aB, ab) تتكون فى الحال طبقا لتكرارات الاتزان وهى ٢٥ % لكل منها ($= 0.25$) وفى هذه الحالة يمكن الوصول إلى الاتزان فى التراكيب الجينية فى خلال جيل واحد فقط .

أما اذا فرضنا وجود عشيرة بدأت بأعداد متساوية من الأفراد ، نصفها يحمل التركيب الجينى ($AABB$) والنصف الآخر يحمل التركيب الجينى ($aabb$) ، وحدث بينهما التزاوج العشوائى ($AABB \times aabb$) ، فإننا فى جيل البداية سوف نجد نوعين من الجاميطات هما : AB و ab . فى هذه الحالة نجد أن التوازن الوراثى لكل التراكيب الجينية لا يمكن الوصول إليه فى الجيل التالى ، حيث أن العديد من الطرز الجينية لن تكون متواجدة (مثلا $AAbb$ و $aaBb$ و $Aabb$ و $aaBb$ إلخ) وهنا يبرز سؤال الآن :

الأول : ما هى تكرارات التوازن المتوقعة للجاميطات ؟

الثانى : ما هو مدى السرعة للوصول إلى تكرارات التوازن هذه ؟

باستمرار التزاوج العشوائى فى هذه العشيرة نجد أن التوزيع التكرارى للجينات كالاتى :-

$$A \text{ ————— } a = p(A) = q(a) = 0.5 \quad (1)$$

$$B \text{ ————— } b = r(B) = s(b) = 0.5 \quad (ب)$$

ما سبق نجد أن التراكيب الجينية التسعة المحتملة في العشيرة هي :

AA BB	Aa BB	aa BB
AA Bb	Aa Bb	aa Bb
AA bb	Aa bb	aa bb

كما نجد أن أنواع الجاميطات المحتمل تواجد ها في المستودع الجاميطي للعشيرة لمثل هذين الجنيين المستقلين عن بعضها هي :

AB	Ab	aB	ab
r	s	t	u

تكرارها :

فإذا صنفنا هذه الجاميطات الى جاميطات تنافرية (in repulsion) وهي Ab و aB ، والى جاميطات تجاذبية (in coupling) وهي AB و ab . وحيث أنه من المفروض أن تكون تكرارات الجينات في الجاميطات التنافرية مساوية لتكرارات الجينات في الجاميطات التجاذبية ، فإننا نتوقع - عند التوازن تكون أن نواتج ضرب التكرارات لكلا نوعي

الجاميطات متساوية ، أي : $(Ab) (aB) = (AB) (ab)$

أي أنه عند التوازن نجد أن :

$$ru = st$$

أو بمعنى آخر :

$$ru - st = \text{zero}$$

مثال : لو فرضنا أن التكرارات لكل من A و B هي ٠.٣٦ و لكل من a و b هي ٠.١٦ عندئذ وفي حالة الاتزان نجد أن :

تنافرية تجاذبية

$$(0.36) \times (0.36) = (0.16) \times (0.16) \quad 0.076 = 0.076$$

$$ru - st = 0.076 - 0.076 = \text{zero}$$

أى أنّ العشيرة قد وصلت الى حالة الاتزان .

حالة عدم الاتزان : Disequilibrium

أما إذا وجد فرق بين تكرارات الجاميطات التنافرية وتكرارات الجاميطات التجاذبية فى العشيرة الأصلية (الأولى) ، فإن هذا الفرق يمثل التغير فى تكرارات الجاميطات (الجينات) وهو يدل على عدم الاتزان ويستمر الى أن يحدث التوازن . ويطلق على هذا الفرق اسم " عدم التوازن

disequilibrium أو (d)، أى : $ru - st \neq 0$

— فإذا كانت قيمة d موجبة : $(Ab) (aB) - (AB) (ab) = + d$

فللاقترب من حالة التوازن يجب أن تضاف قيمة d لتكرار كل نوع من أنواع الجاميطات التجاذبية ، وتستبعد هذه القيمة من تكرار كل نوع من الجاميطات التنافرية (جدول ٢ - ٤) .
— أما إذا كانت قيمة d سالبة :

فالعكس هو الصحيح ، أى تطرح قيمة d من تكرار كل نوع من أنواع الجاميطات التجاذبية ، وتضاف لتكرار كل نوع من الجاميطات التنافرية .
وفى كلتا الحالتين تتناقص حالة عدم الاتزان تدريجياً حتى تصل قيمة d إلى الصفر عندما تصل العشيرة إلى الاتزان . يجب ملاحظة أن قيمة d تنقص بمقدار النصف عقب كل جيل من أجيال التزاوج العشوائى . فلو فرضنا أن :

جيل البداية	F_0	$d = 0.5000 = \frac{1}{2}$
أول جيل	F_1	$d = 0.2500 = \frac{1}{4}$
ثاني جيل	F_2	$d = 0.1250 = 1/8$
ثالث جيل	F_3	$d = 0.0625 = 1/16$

أى أن نصف الفرق عن حالة عدم الاتزان يتناقص عقب كل جيل ، لذلك
ففى خلال ٤ أو ٥ أجيال من التزاوج العشوائى نجد أن أكثر من ٩٠ %
من هذا الفرق قد تلاشى بواسطة جميع الجاميطات ويتبقى أقل من ١٠ %
من حالات عدم الاتزان .

مثال (١) : المثال التالى المذكور فى الجدول (٢-٤) يبين كيفية

حساب القيمة d ، وكيفية حدوث التغير فى تكرار الجاميطات حتى

الوصول إلى حالة الاتزان .

(ملحوظة : كلما زاد عدد المواقع الوراثية تحت الدراسة كلما كانت
سرعة التغير فى قيمة d أبطأ) . - عشيرة بها تكرار الجينوسن
($A - a$ و $B - b$) غير المرتبطين كان $A = B = ٠.٦٠$ و
 $a = b = ٠.٤٠$ ، وتكرار التراكيب الوراثية الأولية (جيل البداية)
وهى $aaBB = AA bb = AABB$ = ٣٠ . وتكرار $aabb$ = ١٠ .

٠.١٠ ، احسب قيمة d فى جيل البداية ثم عقب عدة أجيال (٤ أو
٥ الخ) .

الحل :

جدول (٢-٤) : كيفية حساب قيمة d وتكرارات التوازن للجاميطات

في عشيرة غير متزنة - ثم تناقص قيمة d للوصول الى الاتزان عقب عدة
اجيال من التزاوج العشوائى . (أنظر الجدول ١-٢) .
جدول (١-٢) : تكرارات التوازن للجاميطات في العشيرة .

الجاميطات						
العشيرة الأولى						
الطراز		التكرار الأولى		تكرار الاتزان		
30%	AA bb	AB	0.3	0.3	+ d	
30%	AA bb	Ab	0.3	0.3	- d	
30%	aa BB	aB	0.3	0.3	- d	
10%	aa bb	ab	0.1	0.1	+ d	
$d = (Ab)(aB) - (AB)(ab) = (0.3)(0.3) - (0.3)(0.1) = 0.09 - 0.03 = 0.06$						
كيفية الوصول الى حالة الاتزان						
الجيل Genera- tion	القيمة المضافة (AB و ab) أو المطروحة من (aB و Ab)	نسبة عدم الاتزان المتبقية	تكرارات الجاميطات في الأجيال المتعاقبة			
			AB	Ab	aB	ab
F ₀	—	1 d	0.30	0.30	0.30	0.10
F ₁	0.5 d	0.5 d	0.33	0.27	0.27	0.13
F ₂	0.75 d	0.25 d	0.345	0.255	0.255	0.145
F ₃	0.875 d	0.125 d	0.3525	0.2475	0.2475	0.1525
.
equilib.	d	0 d	0.36	0.24	0.24	0.16

P_1	:	AA BB = (0.5)	x	aa bb = (0.5)	
Gametes	:	AB = 0.5=r		ab = (0.5)=u	مثال (٢) :
F_1	:	AA BB	AaBb	aa bb	
		0.25	0.50	0.25	

في جيل البداية نجد أن :

$$st = 0 \times 0 = 0, ru = 0.5 \times 0.5 = 0.25$$

$$\therefore d = ru - st = 0.25 - 0.00 = 0.25 = \frac{1}{4}$$

في الجيل التالي نجد أن :

AB	AB	Ab	aB	ab	ab
0.25	0.125	0.125	0.125	0.125	0.25
(2/8 + 1/8)		1/8	1/8	(1/8 + 2/8)	

الجاميطات :

التكرار :

$$\therefore ru = 3/8 \times 3/8 = 9/64 \text{ and } st = 1/8 \times 1/8 = 1/64$$

$$\therefore d = ru - st = 9/64 - 1/64 = 8/64 = 1/8$$

ما سبق نجد أن قيمة d ، أي انحراف العشيرة عن حالة الاتزان

يقل بمقدار النصف عقب كل جيل من التزاوج العشوائي حتى نصل إلى

حالة الاتزان النهائي عند ∞ من الأجيال .

ثانياً : عند ما تكون المواقع مرتبطة مع بعضها : Linked genes

تكون سرعة الوصول إلى حالة التوازن أبطأ في حالة الجينات المرتبطة

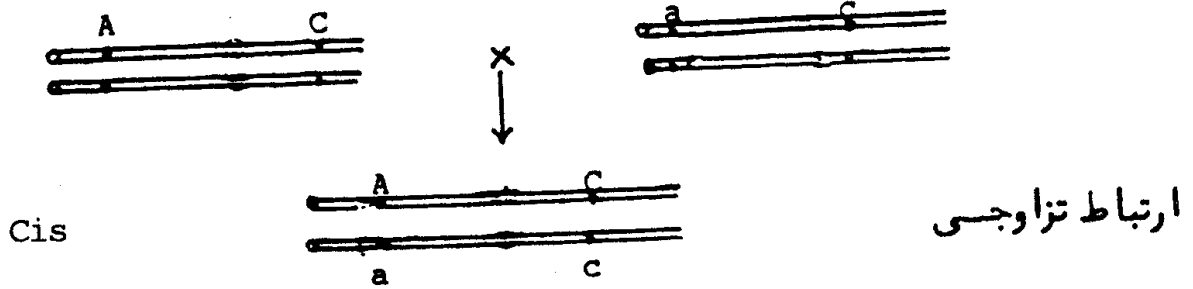
عما هو الحال في حالة الجينات مستقلة التوزيع . ويوجد نظامان

للارتباط .

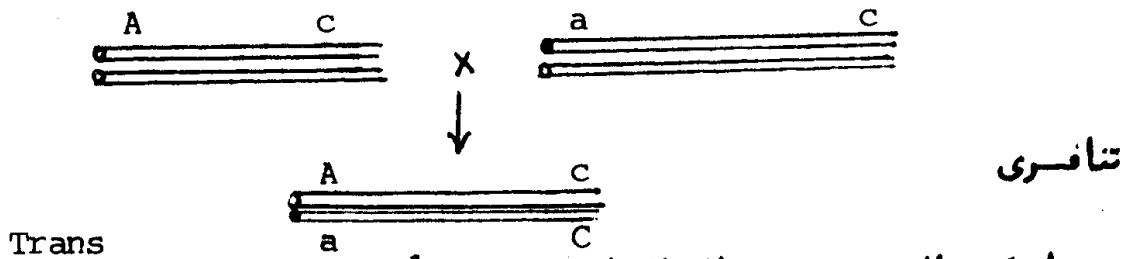
(١) النظام التزاوجي Cis أو Coupling : وفيه تدخل الصفتان

السائدتان التلقيح عن طريق أحد الأبوين والصفتان المتحيتان

عن طريق الأب الآخر .



(٢) النظام التنافري Repulsion(trans) : وفيه تدخل صفة سائدة مع أخرى متنحية عن طريق أحد الأبوين ، و صفة متنحية مع الأخرى السائدة عن طريق الأب الآخر :



وعندما تكون العشيرة في حالة التوازن ، نجد أن حالات النظام التزاوجي Cis = حالات النظام التنافري Trans . وفي هذه الحالة نجد أن تكرارات أنواع الجاميطات تتوقف على التكرار الجيني وليس على شدة الارتباط بين الجينات .

في حالة التوازن

Cis	=	trans
A (r) C		a (u) c
A (s) c		a (t) C

∴ في حالة التوازن : $ru = st$

أما في حالة عدم التوازن نجد أن : $ru - st \neq 0 = d$

فإذا فرضنا أن نسبة العبور بين الموقعين الجينيين = x

∴ قيمة $d =$ تقل في كل جيل بمقدار يساوي $(1 - x)$

فإذا كانت قيمة الانحراف عن الاتزان في جيل البداية (0) هي d_0 ∴ نجد أن ذلك في الأجيال المتعاقبة كالاتى :

جيل البداية : d = d_0

الجيل التالى : $d_0(1-x)$ = d'

الجيل الذى يليه : $d'(1-x)$ = d''

∴ يمكن وضع القانون العام لحساب قيمة d في أى جيل كالاتى :

$$d_t = d_0 (1 - x)^t$$

حيث d_t قيمة الفرق في أى جيل

d_0 قيمة الفرق في جيل البداية

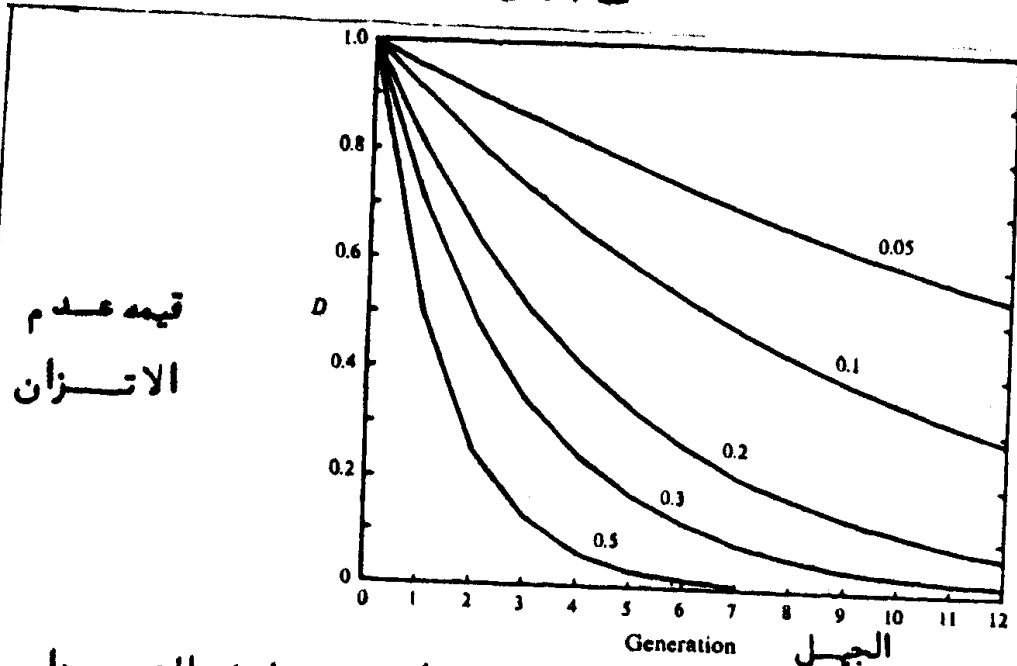
x = نسبة العبور بين الموقعين

t = عدد الأجيال

ويلاحظ أنه كلما زادت مدة الارتباط بين الموقعين تحت الدراسة

كلما زاد عدد الأجيال اللازمة للوصول الى الاتزان • وتبقى الحالة

عدم الاتزان لزمناً أكثر نتيجة الارتباط كما يتضح ذلك من الشكل (٢-٢) :



شكل (٢-٢) : الاقتراب من حالة الاتزان تحت ظروف التزاوج العشوائى لموقعين وراثيين مأخوذين فى الاعتبار معا . تبين الخطوط البيانية قيمة عدم الاتزان D منسوبة إلى نفس القيمة من جيل البداية . تشير الخطوط البيانية الخمسة إلى درجات مختلفة من الارتباط بين الجيلين كما هو موضح من قيم الاتحادات الجديدة بجانب كل خط . يشير الخط الموسوم بالقيمة 0.5 إلى عدم ارتباط الموقعين .

مثال : إذا كانت نسبة العبور بين جينين مرتبطين هي ١٠ % وكانت انحرافات تكرارات الجامهطات التجاذبية والتنافرية عن الاتزان هي ٢٥ % فى جيل البداية - احسب قيمة عدم الاتزان عقب ٥ أجيال من التزاوج العشوائى .

الحل :

$$d_t = d_0 (1 - x)^t$$

$$t = 5, d_0 = 0.25 \text{ and } x = 0.1$$

$$\therefore d_t = 0.25 (1 - 0.1)^5 = 0.25 (0.9)^5 = .25(0.5905) = 0.148$$

كرر المثال السابق لو كانت نسبة العبور ٥ % .
هذا وسوف نتناول اثر الجينات المرتبطة على اختلال التوازن الوراثي
في العشائر المندلية تحت موضوع الانتخاب الطبيعي Natural selection

التكرار الجيني في حالة الصفات المتأثرة بالجنس :

Gene frequency in sex-influenced traits

مقدمة :

قد يتغير تعبير علاقات السيادة $Dominance$ والالتحي $Recessiveness$ لجين ما بدرجة كبيرة عندما تتعرض هذه العلاقات لظروف بيئية مختلفة .
وأبرز هذه الظروف هو تأثير الهرمونات الجنسية Sex hormones . ففى
الصفات المتأثرة بالجنس (sex influenced traits) نجد أنّ الطرز
الجينية الخليطة Heterozygous genotypes سوف تعطى أشكالا مظهرية مختلفة
فى الجنسين - حيث تنعكس علاقات السيادة والالتحي بين أليلات الجين
الواحد . وهنا سوف نتناول الصفات المتأثرة بالجنس التى تكوّن
جيناتها محمولة فقط فى الأوتوسومات . وتقدير التكرارات الأليلية للجين
المتأثر بالجنس تحسب بطريقة غير مباشرة فى أحد الجنسين - وهى الجذر
التربيعى لتكرار الفئة المظهرية المتنحية فى هذا الجنس وهى : $q = \sqrt{q^2}$
وبنفس الطريقة فى الجنس المضاد يمكن تقدير قيمة p حيث : $p = \sqrt{p^2}$
وابتات تأثير الجنس يمكن الحصول عليه لو كان مجموع تقديرات كل
من p و q التى أجريت فى الجنسين المختلفين تقرب من الواحد
الصحيح .

مثال :

فى العشيرة الآدمية ، حالة الأصبع السبابة index-finger الأقصر من الأصبع البنصر ring finger محكومة بجين متأثر بالجنس ، حيث يظهر سائدا فى الذكور ومتنحيا فى الإناث . عينة من الذكور فى هذه العشيرة وجد أنها تحتوى على ١٢٠ فردا قصيرا لأصبع السبابة و ٢١٠ فردا طويلا لهذا الأصبع . أحسب التكرارات المتوقعة للأصبع الطويلة والأصبع القصيرة فى إناث هذه العشيرة .

الحل :

حيث أن علاقات السيادة قد انعكست فى الجنسين ، دعنا نستخدم الحروف والكسيرة ذات الأرقام لترمز للآليلات فى الجنسين لتجنب الخلط مع كل من رموز السيادة العادية والسيادة المشتركة ، كما يتضح من الجدول التالى :

الطراز الجينى Genotype	الشكل المظهرى	
	ذكور ♂♂	إناث ♀♀
$s^1 s^1$	قصيرة	قصيرة
$s^1 s^2$	قصيرة	طويلة
$s^2 s^2$	طويلة	طويلة

نفرض أن p = تكرار الأليل s^1 و q = تكرار الأليل s^2

$$\therefore p^2(s^1 s^1) + 2pq(s^1 s^2) + q^2(s^2 s^2) = 0.1$$

في الذكور : أليل الأصبع الطويلة s^2 متنحى :

$$\therefore q = \sqrt{q^2} = \sqrt{210 / (120 + 210)} = \sqrt{0.64} = 0.8$$

$$\therefore p + q = 1$$

$$\therefore p = 1 - q = 1 - 0.8 = 0.2$$

في الإناث : أليل الأصبع القصيرة متنحى

$$\therefore p^2 + (0.2)^2 = 0.04 \text{ Or } 4 \%$$

أي ٤ % من الإناث في هذه العشيرة من المحتمل أنها تكون قصيرة الأصابع
السبابة ومن ثم فالباقي وهو ٩٦ % لا بد وأن تكن طويلة إصبع السبابة .

مسائل على التكرار الجيني للصفات المتأثرة بالجنس:

(١) الصلع *baldness* صفة وراثية متأثرة بالجنس ، سائدة في الذكور
ومتنحية في الإناث . عينة من الرجال حجمها ١٠٠٠٠ فرد وجد بها
٧٢٢٥ رجلا غير أصلع . في عينة ماثلة من النساء احسب العدد
المتوقع من النساء غير الصلع .

(٢) وجود القرون في بعض قطعان الغنم ، صفة وراثية متأثرة بالجنس -
(سائدة في الذكور ومتنحية في الإناث) . عينة من الغنم الإناث
حجمها ٣٠٠ نعجة وجد أنها تحتوى على ٧٥ نعجة من ذوات -
القرون ، والمطلوب :

- (أ) احسب النسبة المئوية المتوقعة من الإناث خليطة التركيب الوراثي
(ب) احسب النسبة المئوية المتوقعة من الذكور ذوى القسرون

الحل :

(١) فى الذكور الأليل b (غير أصلي) متحى h ومن ثم فتكرار الفئة

الوراثية المتنحية bb هو q^2 :

$$\therefore q^2 = 7225 / 10000 , q = \sqrt{q^2} = \sqrt{0.7225} = 0.85$$

$$\therefore p + q = 1 , \therefore p = 1 - q = 1 - 0.85 = 0.15$$

وفى الإناث الأليل b (غير أصلي) سائد h ومن ثم فتكرار الفئة

الوراثية السائدة p^2 للذكور :

$$\therefore p^2 = (0.15)^2 = 0.0225$$

\therefore نسبة الإناث غير الصلي هي :

$$1 - 0.0225 = 0.9775 = 97.75 \%$$

(٢) فى الإناث عدد القرون h متحى h ومن ثم فتكرار الفئة الوراثية

المتنحية hh هو q^2

$$\therefore q^2 = 75/300 \quad \therefore q = \sqrt{q^2} = \sqrt{75/300} = \sqrt{0.25}$$

$$\therefore p = 1 - q = 1 - 0.5 = 0.5$$

ومن ثم فنسبة الإناث الخليطة هي $2pq$ فى عينة الإناث

$$\therefore 2pq = 2 (0.5) (0.5) = 0.5$$

نسبة الذكور ذوى القرون على مستوى العشيرة (القطيع) هي :

$$\therefore p^2 + 2pq = (0.5)^2 + 2 (0.5) (0.5) = 0.75 = 75\%$$

التكرار الجيني في حالات الارتباط بالجنس Gene frequency with six - linked traits

بالنسبة للجينات المرتبطة بالجنس فإن الوضع يكون أكثر تعقيدا عن الجينات الأوتوسومية ، وذلك لزيادة عدد التراكيب الوراثية المحتملة لوجود اختلاف في عدد الكروموسومات ما بين الجنس متماثل الجاميطات homogametic sex والجنس مختلف الجاميطات heterogametic sex . فإذا كانت الاناث XX والذكور XY ، فإننا نتوقع وجود خمسة تراكيب جينية في العشيرة لزوج واحد من الجينات ($A_1 - A_2$) ثلاثة في الاناث ($A_1 A_1, A_1 A_2, A_2 A_2$) واثنان في الذكور ($A_1 - A_2$) والعلاقة ما بين التكرار الجيني وتكرارات الطرز الجينية genotypes في الجنس متماثل الجاميطات هي نفس العلاقة بالنسبة للجينات الأوتوسومية السابق ذكرها . أما بالنسبة للجنس مختلف الجاميطات فيوجد فقط تركيبان وراثيان ، وكل فرد يحمل أليلا واحدا بدلا من اثنين . ولهذا السبب نجد أن $\frac{2}{3}$ الجينات المرتبطة بالجنس في العشيرة تكون محمولة في الجنس متماثل الجاميطات و $\frac{1}{3}$ الجينات يكون محمولا في الجنس مختلف الجاميطات .

وفي كلتا الحالتين نجد أن : $A_1 + A_2 = p + q = 1$

فإذا فرض أن الاناث هي الجنس متماثل الجاميطات (كما هو الحال في الانسان والدروسوفلا) نجد أن بها تراكيب جينية ، أما الذكور

(وهى الجنس مختلف الجاميطات) فيوجد بها تركيبان وراثيان فقط :

Females		اناث		males		ذكور
		A_1	A_1	A_1	A_2	A_2
Frequency:		P	H	O	R	S

Note : Females XX and Males XY

وبذلك يكون تكرار الجين A_1 فى الاناث : $P_f = P + \frac{1}{2} H$

ويكون تكرار الجين A_1 فى الذكور : $P_m = R$

∴ تكرار الاليل A_1 فى العشيرة كلها هو $\bar{P} = 2/3 P_f + 1/3 P_m$

$$= 1/3 (2P_f + P_m)$$

$$= 1/3 (2P + H + R)$$

من ذلك نستنتج القانون العام لحساب التكرار الجينى فى حالة الارتباط بالجنس كالآتى (فى العشيرة كلها) .

A_1	$P = 1/3 (2P + H + R)$
A_2	$q = 1/3 (2Q + H + S)$

حيث P = نسبة الاناث $A_1 A_1$ = نسبة $A_2 A_2$ فى الاناث

H = نسبة الاناث $A_1 A_2$

R = نسبة الذكور A_1 و S = نسبة الذكور A_2

(وعند التوازن فى العشيرة نجد أن التكرار الجينى فى الاناث = التكرار

الجيني في الذكور) .

وإذا قدرنا التكرار الجيني ووجد أنه مختلف في الإناث عن الذكور
دل ذلك على أن العشيرة ليست في حالة اتزان . ولا يتغير التكرار الجيني
في العشيرة ككي ، لكنه يتذبذب بين الجنسين كلما اقترنا من حالة
الاتزان equilibrium . ويمكن توضيح السبب وراء ذلك من
الاعتبارات التالية :

فالذكور تحصل على جيناتها المرتبطة بالجنس من أمهاتها فقط ،
لذلك نجد أن P_m تكون مساوية لـ P_f في الجيل السابق .
أما الإناث فإنها تحصل على جيناتها المرتبطة بالجنس بالتساوي من كلا
الآباء ، لذلك تكون P_f مساوية لمتوسط كل من P_m و P_f في الجيل
السابق . فإذا رمزنا لتكرار النسل بالرمز P نجد الأتي :

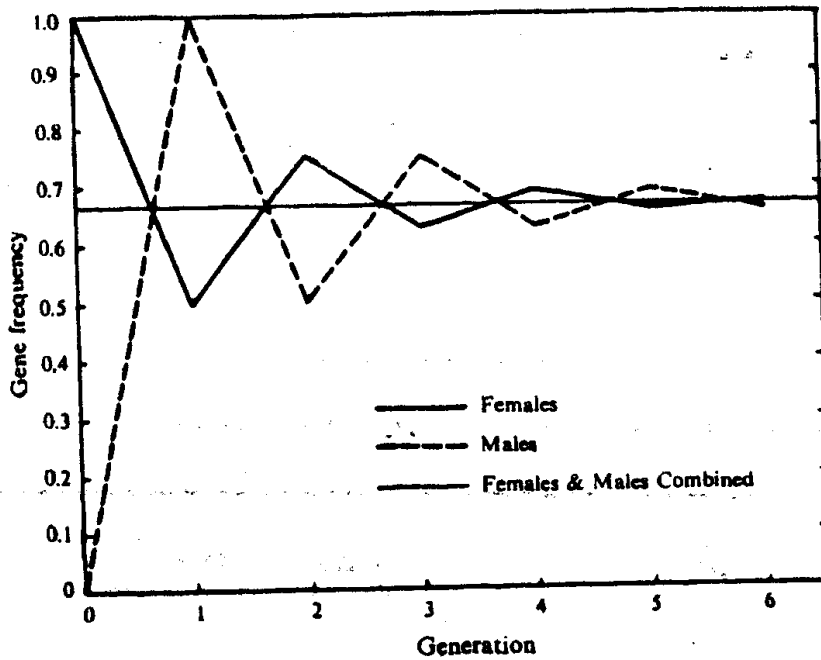
$$\begin{aligned} P'_m &= P_f \\ P'_f &= \frac{1}{2} (P_m + P_f) \end{aligned}$$

ومن ثم نجد أن الفرق في التكرارات بين الجنسين هو :

$$P'_f - P'_m = \frac{1}{2} (P_m + P_f) - P_f = -\frac{1}{2} (P_f - P_m)$$

أي أن هذا الفرق يساوي نصف الفرق في الجيل السابق ، لكن في
الاتجاه العكسي . لذلك فإن توزيع الجينات بين الجنسين يتذبذب مرة
لصالح الذكور ومرة لصالح الإناث ، لكن هذا الفرق يقل بنسبة ٥٠٪
عقب كل جيل من التزاوج العشوائي ، ومن ثم تقترب العشيرة بسرعة من
حالة الاتزان حتى تصبح التكرارات متساوية في كلا الجنسين .

يوضح الشكل (٣-٢) الاقتراب من حالة التوازن بتكرار جيني $\frac{2}{3}$ ، عندما تبدأ العشيرة بخلط اناث من طراز واحد (جميعها بالتركيب $A_1 A_1$) مع ذكور من الطراز الآخر (جميعها بالتركيب الجيني A_2) مع ترك أفرادها يتزاوجون عشوائيا .



شكل (٣-٢) : الاقتراب من حالة الاتزان تحت التزاوج العشوائى لجين مرتبط بالجنس ، مبيّنا التكرار الجيني بين الأناث ، وبين الذكور وفي الجنسين معا . تبدأ العشيرة بأناث جميعهن من طراز واحد ($q_F = 1$) ، وذكور جميعهم من الطراز الآخر ($q_m = 0$) .

مثال :

قام العالم سيرل Searl عام ١٩٤٩ بحصر التكرارات لعدد من الجينات في عينة من القطط في مدينة لندن . وكانت الحيوانات

- ٨١ -

عدد الجينات			التكرار الجيني لـ 0
+	0	Total	q
608 في الاناث	68	676	0.101
311 في الذكور	42	353	0.119

— والاختبار الثانى هو اختبار تكرارات الطرز الجينية فى الاناث للتوازن مع قانون هاردي — فاينبرج ، كما هو مبين فى الجدول الاول ، وذلك باستخدام التكرارات الجينية التى حسبت .

ويتضح ان التكرار الجينى فى الذكور اكبر قليلا من الاناث لكـ من الفرق غير معنوى ، مما يدل على أنه لا يوجد سبب للاعتقاد بعدم وجود اتزان فى العشيرة ، إلا أن الاختلافات الموجودة بين الاعداد المشاهدة والاعداد المتوقعة — لو كانت حقيقة ، فان ذلك قد يكون لعدم التزواج العشوائى ، أو لصغر العينة .

التكرار الجينى فى حالة الارتباط بالجنس فى العشائر الطبيعية :

Sex- Linkage in Natural Populations

عندما يكون بين اليلى جين مرتبط بالجنس سيادة مشتركة فإن كلا من الطرز الجينية الخمسة المختلفة فى الذكور والاناث يكون له شكل مظهرى فريد unique ، واذا كانت أعداد الذكور والاناث متساوية فى العشيرة ، فان التكرارات الجينية يمكن حسابها بسهولة من تكرارات الاطقم الجينية طبقا للمعادلة التى سبق ذكرها $(p \text{ males} + 2 p \text{ Females}) / 3$ حيث P هو تكرار الاليل مشترك السيادة — مثلا A .

أما اذا كانت أعداد كل من الذكور والاناث غير متساوية فى العشيرة

فان تقدير p الآتى يمكن استعماله :

$$p = \frac{n_{AA}^2 + n_{Aa} + n_A(Y)}{2N_f + N_m}$$

حيث N_f = عدد الاناث الكلى فى العشيرة

N_m = عدد الذكور الكلى فى العشيرة

n_{AA} = عدد الاناث ذوات التركيب الجينى AA

n_{Aa} = عدد الاناث ذوات التركيب الجينى Aa

$n_A(Y)$ = عدد الذكور ذوى التركيب الجينى A

ولتقرير ما إذا كانت العشيرة فى حالة اتزان أم لا ،يجرى اختباران كما ذكرنا سابقا . الأول لمعرفة ما إذا كان تكرار p متماثلا فى كـل من الذكور والاناث باستعمال اختبار مربع كاي للتلازم - Contingency chi-square test والثانى مقارنة تكرارات الطرز الجينية المشاهدة والمتوقعة فى الاناث بعد اتمام الاختبار الاول .

مثال :

فى عينة من ٢٨١ فردا من القطط فى مدينة بوسطن بالولايات المتحدة وجد العالم Todd البيانات الموضحة فى الجدول التالى (جدول ٢-٥) .

جدول (٢-٥) : تكرارات الطرز الجينية ، اعداد الجينات واختبار مربع كاي للاستقلال بين عدد الجينات والجنس فى عينة من ٢٨١ فردا .

انظر جسم الجدول فى الصفحة التالية .

	عدد التراكيب الجينية			عدد الجنات	
	+ / +	+ / y	y/y	+	y
إناث	102	48	4	(a) 252	(c) 5 b
ذكور	99		28	(b) 99	(d) 28

$$\text{Contingency } (X^2) = \frac{[(ad-bc) - \frac{1}{2}N]^2 N}{(a+b)(a+c)(b+d)(c+d)}$$

$$= \frac{[(252)(28) - (99)(56)]^2 (435)}{(2452 + 99)(252 + 56)(99 + 28)(56 + 28)}$$

$$= 0.885$$

$$\text{freq. of } y = \frac{2(4) + 48 + 28}{2(154) + 127} = \frac{84}{435} = 0.193$$

والآن يمكننا احلال هذه القيمة الاخيرة فى حساب قيم التوازن المتوقعة لتكرارات التراكيب الجينية فى الاناث وحساب مربع كاي كما هو موضح فى الجدول (٦-٢).

جدول (٦-٢) : حساب مربع كاي لتكرارات التوازن بين التراكيب الجينية للاناث (تكرار $y = 0.193$ و $+ = 0.807$).

	التركيب الجينى			المجموع
	++	+/y	y/y	
المشاهد	102	48	4	154
المتوقع	$(154)(0.807)^2 = 100$	$2(0.193)(0.807) = 48$	$(0.193)^2 = 6$	154
X^2	= 0.70			

من قيمة مربع كاي وهي (0.70) وعند درجة حرية واحدة يكون الفرق غير جوهري مما يدل على أن العشيرة متزنة وراثيا .

التكرار الجيني في حالة السيادة التامة للجينات المرتبطة بالجنس :

عند ما يكون أحد أليلي الجين المرتبط بالجنس سائدا سيادة تامة على الأليل المتحى ، ففي هذه الحالة نجد أن فئتين من الفئات الوراثية للاناث لا يمكن تمييزهما من بعض مظهريا . وفي هذه الحالة يمكن استعمال تقديرات التكرار الجيني في الذكور لحساب التكرارات المتوقعة للتركييب الوراثية للاناث . ففي المثال السابق (أنظر الجدول) لو فرضنا أن الأليل (+) سائد تماما ، فإن المظهر السلحفائي لا يمكن تمييزه مظهريا . وتكرار الأليل Y والذي تم حسابه من البيانات هو $\frac{28}{127} = 0.220$ وتكرار الأليل (+) $1 - 0.220 = 0.780$

وبناء على ذلك نجد تكرارات التراكيب الوراثية في الاناث هو :

+ / +	+ / Y	Y / Y
$(0.780)^2$	$2(0.780)(0.220)$	$(0.220)^2$

ولما كان يفترض أن الطرازين الجينيين $+ / Y$ متماثلان مظهريا ، فإن التكرارات المظهرية للاناث تكون بالتقريب هي :

غامق	أصفر
$1 - (0.220)^2$ (+)	$(0.220)^2$ (Y)

أوحوالى : ١٤٧ (+) و Y (Y) وبمقارنة هذه القيم المتوقعة بالقيم المشاهدة (وهي ١٥٠ (+) و ٤ (Y)) ، نجد أن قيمة

مربع كاي حوال ٠.١٤ عند درجة حرية واحدة وهذه غير جوهريّة مما يؤكّد أنّ العشيرة في حالة اتزان وراثي .

ملحوظة هامة :

لا حظ أنّ العلاقة بين تكرار الشكل المظهري المتنحي المرتبط بالجنس في الذكور والاناث هي : q^2 : q أو q : 1 فعندما تكون قيمة $q = 0.1$ ، فإن تكرار الذكور المتنحية يكون ١٠ أمثال تكرار الاناث المتنحية الأصلية . ومن ثم كلما كانت قيمة q أصغر كلما كان تكرار المظهر المتنحي بين الذكور أعلى نسبياً . فعلى سبيل المثال ، صفة النزف الدموي (الهيموفيليا Hemophilia) وهي صفة مرتبطة بالجنس تكرارها بين الذكور الآتية حوالى ١ في كل ١٠٠٠٠ ، وعلى العكس من ذلك ، فإننا نتوقع تكرارها في الاناث يكون $(0.0001)^2$ ، أي حوالى سيدة واحدة بين كل مائة مليون سيدة تكون نازفة hemophilic ، وهذا التوقع يتفق بدرجة كبيرة مع الحالات النادرة جداً للنزف الدموي القسبي لوحظت بين بنات حواء .

الاختبار الاحصائي للتوازن الوراثي لموقع جيني :

Testing a locus for equilibrium:

في الحالات التي تدخل فيها السيادة التامة ، فإن فئة الخليط تكون غير مميزة مظهرياً من الفئة السائدة الأصلية . ومن ثم توجد طريقة لاختبار القيم المتوقعة بناءً على قانون هاردي - فاينبرج بالنسبة للقيم المشاهدة من البيانات - ما لم تحلل الفئات المظهرية السائدة بطرق وراثية

- كمشاهدة نسل التلقيح الاختبارى • فقط فى حالات السيادة المشتركة
يمكن مقارنة القيم المشاهدة مع القيم المتوقعة طبقا لقانون مربع كسلى التقليدى
درجات الحرية :

إن عدد المتغيرات Variables فى اختبارات مربع كسلى لتوازن هاردى-
فاينبرج ، ليست ببساطة هى عدد الفئات المظهرية مطروحا منها واحداً
(كما هو الحال فى اختبارات مربع كسلى فى الوراثة السندلية التقليدية) •

أما فى حالة قانون هاردى - فاينبرج ، فإن عدد المتغيرات المشاهدة
observed variables (عدد الفئات المظهرية = K) يتحدد باختبار
مدى توافقها مع نسبة تكرارات هاردى - فاينبرج المتوقعة والمكونة
بواسطة متغيرات إضافية (عدد الألييلات أو عدد التكرارات الأليلية وهى =
(r =

فى هذه الحالة يوجد لدينا :

($K-1$) درجات حرية لعدد الفئات المظهرية

($r-1$) درجات حرية لتكرارات الألييلات ، أى أن :

عدد درجات الحرية المشترك هو :

$Df = (k - 1) - (r - 1) = k - r$

وفى معظم حالات اختبارات مربع كسلى للتوازن equilibrium حتى
فى حالات الألييلات المتعددة ، فإن عدد درجات الحرية يكون مساوياً لعدد
الفئات المظهرية مطروحا منها عدد الألييلات •

<u>درجات الحرية = عدد الفئات المظهرية - عدد الألييلات</u>

الباب الثالث

قوى التطور ودورها في تغيير الاتزان الوراثي في العشائر

مقدمة :

التطور evolution هو العملية التي بمقتضاها تتغير الكائنات الحية من نوع إلى آخر . ومعظم هذه التغيرات تنتج تدريجيا خلال العصور الجيولوجية ذات الأزمان السحيقة . وكما أوضحنا عند مناقشة قانون هاردي - فاينبرج للتوازن الجيني ، فإن العشيرة تبقى في حالة توازن equilibrium دون تغير إذا توفرت لهذه العشيرة الشروط الخاصة بهذا القانون . ومعرف عوامل عديدة لها القدرة على تغيير البنيان الوراثي للعشيرة . وهذه العوامل تسبب الاخلال بشروط قانون هاردي - فاينبرج ، وتشمل :

- ١ - الهجرة Migration
 - ٢ - الطفرة Mutation
 - ٣ - الانتخاب Selection
 - ٤ - الانجراف (التباعد) الوراثي العشوائي Random genetic drift
- ونحدث العوامل الثلاثة الأولى باستمرار ، وهي تميل إلى تغيير التكرار الجيني بطريقة يمكن التنبؤ بها سواء من الناحية الكمية أو الاتجاهية Amount & Direction ، أما العامل الرابع (وهو الانجراف الوراثي) فهو عملية عشوائية Dispersive process ويمكن التنبؤ بها في الكم amount وليس في الاتجاه Direction . وفي الفصول التالية سوف نتناول تأثير كل من هذه العوامل بطريقة رياضية مبسطة ، أما استخراج المعادلات المعقدة فسوف نتركه للدراسات المتقدمة في علم وراثية العشائر .

تفترض شروط الاتزان الوراثة أن العشيرة مغلقة ، بمعنى أنها ليست عرضة لتأثيرات خارجية بواسطة الهجرة . ويمكن للتركرارات الجينية Gene frequencies أن تتغير عندما تتعرض العشيرة لأفراد مهاجرة من عشيرة أخرى . ويتوقف التغير في التكرار الجيني Δq الناتج من الهجرة على نسبة الأفراد المهاجرة (i) في كل جيل . ويمكن التعبير عن الفرق في التكرارات الجينية بين أفراد العشيرة الأصلية والأفراد المهاجرين $(q_n - q_i)$ بالمعادلة التالية :

$$\Delta q = i (q_n - q_i)$$

- ولكى تختلف عشيرتان وراثيا على أسس تطورية - والتي بدورها تؤدي إلى التبع Speciation (تكون أنواع جديدة) ، فإنهما أولا - لابد وأن تصبحا منعزلتين عن بعضهما جغرافيا . وإذا فرضنا أن نوعا ما Species قد انفصل إلى اثنتين أو أكثر من العشائر المنعزلة (demes) جغرافيا ، فإن كلا من العشائر المستقلة سوف تتبع طرقا تطورية مختلفة للأسباب التالية :
- أ - ظهور طفرات مختلفة في المجموعات المنفصلة من الكائنات الحية .
 - ب - الطفرات والتوافيق الجينية gene combinations التي تظهر في العشائر المنفصلة سوف يكون لها قدرات توافيقية Adaptive values مختلفة في البيئات الجديدة .
 - ج - الكائنات التي تستوطن منطقة جغرافية معينة ، وتكون عشيرة منعزلة isolated population قد لا تكون مثلة للمجموعة التي انشقت عنها ، ومن ثم توجد تكرارات جينية مختلفة منذ البداية (الأساس Founder Principle) .
 - د - حجم العشيرة الجديدة قد يكون صغيرا خلال فترات معينة ، ومن ثم قد تتكون "اختناقات وراثية" تشأ منها كل الكائنات التي سوف تتكون بعد ذلك .
- ويترتب على ذلك أن التكرارات الجينية سوف تذبذب في اتجاهات غير متوقعة خلال فترات العشائر صغيرة الحجم (الانجراف الوراثة Genetic drift) .
- وعندما تباعد الهجرة Migration بين عشيرتين في مناطق جغرافية مختلفة .

فإنّ مستودعيهما الجينيين their gene pools سوف يصبحان الكيانين المنعزليين —
الضروريين لتجمع الاختلافات الوراثية . وإذا أمكن للمستودعين الجينيين المشتقين أصلاً
من عشيرة واحدة أن يبقيا منعزلين لفترة كافية من الزمن ، فإنّ هذه الاختلافات
الوراثية سوف تتسع وتصبح أكبر ، مما يترتب عليه أنّ أفراد إحدى العشيرتين تصبح غير
قادرة على التزاوج — أو على الأقل غير قادرة على تكوين نسل حي — أو خصب — مع
أفراد العشيرة الأخرى حتى لو بقيت هذه الأفراد غير منعزلة عن بعضها .
وهنا فإن العشيرتين تصبحان منعزلتين تناسلياً ^{isolated} reproductively عن بعضهما .
وبناءً على ذلك يمكن أن يُطلق عليهما أنهما نوعان بيولوجيان مختلفان . ويمكن أن
يحدث تطور كبير (اختلاف وراثي واسع) في عشيرة ما بدون تقسيم العشيرة إلى أنواع
مختلفة . وعملية نشأة الأنواع (التنوّع Speciation) — كجال من مجالات
التطور — تقع خارج نطاق الأسس المأخوذة في الاعتبار ضمن هذا الموضوع .

الطفرة Mutation:

الطفرة في حد ذاتها هي أحد العناصر الرئيسية في التطور البيولوجي . فإذا تعرّض
نوع Species ما لبيئات مختلفة خلال فترات زمنية طويلة ، فإنّ قدرته على البقاء تصبح
مُعْتَبَدَةً على مخزونة من التباين الوراثي لتكوين تراكيب وراثية جديدة بجماليات جديدة
من التحمل tolerance تجعل بعض أفراد العشيرة قابلاً للحياة وتكاثر نوعها .
والميكانيكيات الجنسية Sexual mechanisms يمكنها إنتاج كمية كبيرة — لكن
محدودة — من التوافق الوراثية Genetic combination . وحتى أحسن التراكيب
الوراثية المتوائمة تحت الظروف الحالية قد لا تكون قادرة على الحياة في وقت ما في المستقبل
تحت ظروف بيئية مختلفة . وما لم تنشأ أو تُستَجَلَب مواد وراثية جديدة إلى المستودع الجيني
بواسطة الطفرة ، فإن عملية التطور سوف تُحَدَّد فقط بالتراكيب الوراثية القادرة على
البقاء تحت الظروف البيئية غير المناسبة والموجودة فعلاً في العشيرة ، وتحدد الطفرات
التلقائية Spontaneous mutations باستمرار بغض النظر عن الاحتياج الباعث لها .
ومعظم الطفرات إما أنها عديمة القيمة أو أنها ذات تأثير ضار تحت الظروف البيئية

السائدة • وتميل الطفرات الضارة لأن تُستبعد من العشيرة أو تُستبقى بتكرار منخفض بواسطة الانتخاب الطبيعي • ومن آن لآخر • وعندما تحدث طفرة ذات فائدة • فإن القوى الانتخابية selective forces تعمل على زيادة تكرارها في العشيرة على حساب أليلاتها الأقل فائدة • ومن ثم • يمكن اعتبار الطفرات بأنها المواد الخام وأن الانتخاب الطبيعي بأنه القوة الدافعة لعملية التطور •

ومعظم المواقع الجينية لها معدل طفور Mutation rate يتراوح ما بين 10^{-6} إلى 10^{-10} • أي طفرة واحدة في الـ ١٠٠.٠٠٠ إلى طفرة واحدة في المليون • ومن ثم • فالضغط الطفرى Mutation pressure في حد ذاته ليس عادة عاملاً أساسياً ذات أهمية في تغيير التكرار الجيني • وفي الحقيقة • فإن وجود ميزة إنتخابية Selective advantage ضئيلة • أو انعدام الميزة الإنتخابية لآليل معين لا يمكنه أن يؤثر كلية على تغيير التكرار الجيني الناتج من الضغط الطفرى • وبالرغم من ذلك لو كان الضغط الوحيد الذى يعمل على موقع جيني معين هو الطفرة فقط • ولو أعطى الوقت الكافى • فإن التكرارات الجينية سوف تتغير تدريجياً ثم يقف هذا التغيير عندما تصل هذه التكرارات إلى حالة الاتزان • معتمدة في ذلك على معدلات الطفرور الأمامية Foreward mutations ومعدلات الطفرور العكسية Back mutations •

وكل جين له معدل طفور Mut. rate خاص في العشيرة • وعادة لا تتكافأ معدلات الطفرور الأمامية و العكسية لنفس الجين • فلو فرضنا أن التكرار الأولى للآليل A_1 هو p_0 وأن التكرار الأولى للآليل A_2 هو q_0 • وأن معدل طفور A_1 إلى A_2 هو u • وأن معدل الطفرور العكسى لـ A_2 إلى A_1 هو v (وهذا أقل بكثير جداً من الطفرور الأمامى) • فإن التغيير في تكرار الآليل A_2 وهو ما يرمز بـ (Δq) في خلال جيل واحد نتيجة للضغوط الطفرية المتفارقة يكون كما يتضح من المعادلة التالية :

$$\Delta q = up_0 - vq_0$$

وبعد ذلك فإن عدم التوازن الأولى initial disequilibrium في التكرارات الجينية يتضاءل ثم يختفى باستمرار في الأجيال المتعاقبة حتى أنه عند التوازن تصبح $\Delta q = 0$

و $up = vq$ ومن ثم تكون التكرارات الأليلية هي :

$$\hat{q} = \frac{u}{u + v} \quad \text{and} \quad \hat{p} = \frac{v}{u + v}$$

وعندما تتساوى قيم كلي من u و v أى معدلات الطفرور في الاتجاهين $u = v$ فإن التوازن في التكرارات الجينية المتوقعة \hat{p} و \hat{q} سوف يكون متساويا . أما عندما تختلف معدلات الطفرور ، فإن تكرارات التوازن equilibrium frequencies سوف تختلف

أيضا - فعلى سبيل المثال لو أن $u = 0.00005$ و $v = 0.00003$ فإن تكرار التوازن المتوقع \hat{q} هو :

$$\hat{q} = \frac{u}{u + v} = \frac{5}{8} = 0.625$$

ول \hat{p} هو :

$$\hat{p} = \frac{v}{u + v} = \frac{3}{8} = 0.375$$

يتضح من ذلك أن معدلات تكرارات التوازن التي يمكن الوصول إليها بواسطة الطفرة عادة ما تكون بطيئة . وهذه يمكن حسابها من خلال القيمة (Δq)

Selection

الانتخاب

وضع تشارلس داروين C. Darwin أسس التطور البيولوجي الحديث في كتابه " نشأة الأنواع بواسطة الانتخاب الطبيعي " الذي نُشر عام ١٨٥٩ . فقد لاحظ داروين أن الكائنات الحية لها قدرة تناسلية تفوق بكثير أعداد النسل المتكون لها في عشيرة ما بعلوة على ذلك ، فإن حجم معظم العشائر يميل لأن يبقى ثابتا نسبيا من جيل إلى جيل . فعلى سبيل المثال ، تضع أنثى سمك الغمد Cod fish ملايين البيض ، لكن لم يلاحظ تزايد في حجم العشيرة الطبيعية في الأجيال المتعاقبة ، حيث التنافس على الضروريات الأساسية للحياة ، مثل الغذاء والحماية والمكان . . . إلخ يُحدد عدد الأفراد التي يمكنها أن تقطن نفس المكان (أى تمارس نفس نمط الحياة) . وبناءً على ذلك عزى داروين الفرق بين القدرة التناسلية والحجم الحقيقي للعشيرة إلى قوة الانتخاب الطبيعي Natural selection حيث تعيش الأفراد الأكثر قوة والأكثر مواءمة لكي تكاثر نوعها . يمكن تعريف الانتخاب - باختصار - على أنه " التكاثر التفاضلي differential reproduction اللاعشوائى للتركيب الوراثية " . إن القوانين التي تحكم التوارث لم تكن معروفة عندما وضع داروين كتابه . لكن باستكشاف علم الوراثة الحديث ، فإن نظرية التطور قد تطورت إلى علم ، وأصبحت الآن قادرة على أن توضح كثيرا من أسسها في مضمون رياضي .

ان أحد ضوابط قانون هاردي - وايينبرج - يفترض غياب الانتخاب داخل العشيرة .

وسوف تتغير التكرارات الجينية لو أن أحد التراكيب الوراثية أعطى نسلا أعلى في المتوسط عن تركيب آخر . وتقاس الفية التوافقية " Adaptive value " أو القدرة على البقاء " Fitness لتركيب وراثي ما بإسهامه النسبي من النسل الذي يتكون في الجيل

التالي . وحدث الانتخاب عندما يكون أحد التراكيب الوراثية أكثر توافقا (more adaptive) أو أكثر قدرة على البقاء " more fit عن التركيب الآخر .

إن عى الانتخاب Intensity of selection يُعبر عنه بالمصطلح "معامل الانتخاب Coefficient of selection (ويرمز له بالرمز s) - ويُعرف بأنه التفاضل النسبي في تكون الجاميطات لتركيب وراثي معين بالمقارنة بتركيب وراثي آخر (عادة الأكثر قدرة على البقاء) (The more fit) .

مثال (١) : دعنا نأخذ في الاعتبار ثلاث حالات تكون فيها القدرة على البقاء Fitness مختلفة بين التراكيب الوراثية - لموقع وراثي له أليلان هما: A_1 A_2 :

الحالة الأولى : سيادة تامة بالنسبة للبقاء (المواءمة Fitness)

التركيب الجيني	المواءمة Fitness
$A_1 A_1$	1
$A_1 A_2$	1
$A_2 A_2$	$1 - s$

فعندما تكون المواءمة Fitness لأكثر الطرز قوة هي 1 ، عندئذ تكون الطرز غير المرغوبة والتي يحمل الانتخاب ضد ها بقوة قدرها (s) لها متوسطا مواءمة fitness في العشيرة قدره $(1 - s)$.

فلو كانت قيمة (s) تساوى ٠.٢ . لكل ١٠٠ زيجوت ناتجة من التراكيب المرغوبة (وهي $A_1 A_2$ و $A_1 A_1$) فإن التركيب الوراثي غير المرغوب ($A_2 A_2$) ينتج نسلا أقل بـ ٢٠% أو :

$$1 - s = 1 - 0.2 = 0.8 \text{ or } 80 \text{ zygotes}$$

الحالة الثانية : سيادة جزئية Partial dominance بالنسبة للموامة fitness
تحدث عندما يكون التركيب الوراثي الخليط Heterozygote أقل موامة عن أحد
التركيبات الأصلية Homozygote ، لكنه أكثر موامة more fit عن التركيب الأصيل
الآخر :

Genotype التركيب الجيني	Fitness الموامة
$A_1 A_1$	1
$A_1 A_2$	$1 - s_1$
$A_2 A_2$	$1 - s_2$

فلو كانت $s_1 = 0.05$ و $s_2 = 0.35$
عندئذ - وفي المتوسط لكل ١٠٠ زيجوت تنتج بواسطة التركيب $A_1 A_1$ ، نجد فقط
١٥ و ٦٥ زيجوتا سوف تنتج - على التوالي - بواسطة كل من $A_1 A_2$ و $A_2 A_2$.
فاذا فرض أن التركيب الوراثي $A_2 A_2$ مبيد ، عندئذ تكون $s_2 = 1$ وتكون الموامة =
صفرا .

الحالة الثالثة : في حالة السيادة الفائقة Overdominance وهي عندما تعطى الافراد
الهجينة نسلا أكثر بالنسبة للأبوين الأصليين فتكون الموامة fitness كالآتي :

Genotype	التركيب الوراثي	Fitness	الموامة
	$A_1 A_1$	$1 - s_1$	
	$A_1 A_2$	1	
	$A_2 A_2$	$1 - s_2$	

وعندما تكون الافراد الهجينة متفوقة على فتى الافراد الأصلية من ناحية الموامة ،
فان كلا الأليلين يميلان للبقاء في العشيرة ، ويترتب على ذلك تواجد كلا الفئتين
الأصليتين في العشيرة . وعندما يتواجد مظهران أو أكثر في العشيرة (ويتوقف ذلك على
عدد الأليلات للموقع الوراثي وظروف السيادة بينها) بتكرارات عالية نسبيا -

فتسمى هذه الحالة بـ "تعدد المظاهر Polymorphism" وأحد تفسيرات ظاهرة تعدد المظاهر في العشيرة هي السيادة الفائقة وعلاقتها بالمواءمة fitness (وهي ما يسمى بتعدد المظاهر المتوازن • (Balanced polymorphism)

ملحوظة: يجب عدم الخلط بين كل من "طول العمر Longevity" و"قوة النمو vigor" وبين القيمة التوافقية Adaptive value or fitness —
 نميلاً تركيب وراثي قد يكون له متوسط عمر ١٠٠ سنة أو أكثر ويكون له مظهر قوي وما لم يكن له القدرة على إنتاج بعض النسل — فإن مواءمته في العرف التطوري قد تكون صفراً • والتغيرات المظهرية التي تحدث في فرد ما أثناء حياته لا علاقة لها بعمليات التطور • والتطور يعمل فقط بين الأجيال المتعاقبة في عشيرة من الكائنات الحية •

ان سرعة تغير التكرارات الجينية في وقت ما تعتمد على قيمة العمق الانتخابي intensity of selection (s) للتكرار الجيني وعلى حالات السيادة

وعلاقتها بالمواءمة •

(١) الانتخاب ضد الجينات الميئة المتحيية :

Selection Against a Recessive Lethal

التركيب الوراثي الذي لايسمح للكائن بالحياة حتى طور البلوغ ، أو الذي يجعل الكائن عقيماً ، له درجة مواءمة fitness = صفراً ، والانتخاب ضده يكون تاماً (s = 1) • وفي كل جيل ، فإن الانتخاب سوف يستبعد كل التراكيب الوراثية الميئة المتحيية • والجين المتحي سوف يبقى فقط داخل العشيرة في الأفراد السائدة الخليطة • فلو فرضنا أن (q) هي تكرار الأليل المتحي للجين ، عندئذ فإن الانتخاب سيكون مؤثراً جداً في تغيير التكرار بالنسبة للأليل الميت عندما يكون تكرار (q) عاليا نسبياً في العشيرة — وذلك لأن نسبة عالية من $(q)^2$ في العشيرة سوف تكون مظهرية متحيية وغير قابلة للحياة inviable • وكلما أصبحت (q) أصغر فإن نسبة كبيرة من الأليل المتحي سوف تختفي في التراكيب الخليطة وتهرب من الانتخاب • وترتب على ذلك أن التغير في التكرار الجيني — من جيل لآخر (Δq) يكون أصغر

$$\Delta q = - \frac{q^2}{1 + q}$$

باضطراب ، كما يتضح من المعادلة التالية :
معادلة رقم (١)

يمكن حساب عدد الاجيال (n) اللازمة لتغيير التكرار بالنسبة للآليل الميت من تكراره الاولى initial frequency (q_0) الى أى تكرار مرغوب (q_n) طبقاً

$$n = \frac{1}{q_n} - \frac{1}{q_0}$$

للمعادلة التالية :
معادلة رقم (٢)

ملحوظة : جميع المعادلات التى تتبأ بعدد الاجيال (n) اللازمة للوصول إلى تغيير ما فى التكرار الجينى تفترض أن تبقى ظروف البيئة ثابتة خلال الفترة اللازمة للتغير - ومن ثم يكون معامل الانتخاب ثابتاً أيضاً . وهذا الافتراض لا يمكن تطبيقه لفترات طويلة من الزمن اللازم للتطور حيث أن البيئة تتغير باستمرار - (أحيانا بسرعة وأحيانا أخرى ببطء) . فمثلا تركيب وراثى ما قد يكون عديم الميزة الانتخابية Selective disadvantage فى أحد البيئات ، لكنه يكون ذا مواءمة جيدة فى بيئة أخرى جديدة . وترتب على ذلك ، أن التكرارات الجينية قد تتذبذب fluctuate لأعلى ولأسفل كلما غيرت البيئة درجات المواءمة fitness values للتركيب الوراثية المختلفة فى العشيرة .

(٢) الانتخاب الجزئى ضد المتنحى : Partial selection against recessive

لو كانت مواءمة fitness التركيبين الوراثيين السائدين (AA , Aa) هى 1 ، عندئذ فان مواءمة التركيب الوراثى المتنحى هى (1-s) ويكون التغيير فى تكرار الآليل المتنحى لكل جيل (هو Δq) صغيرا عندما تكون قيمة (q) نفسها إما عالية جدا أو صغيرة جدا . وأعلى قيمة Δq يمكن الحصول عليها عندما تكون قيمة q متوسطة . ويمكن حساب التغيير فى التكرار الجينى Δq من المعادلة التالية :

$$\Delta q = \frac{-sq^2(1-q)}{1-sq^2}$$

معادلة رقم (٣)

مثال : عندما تكون
 $s = 0.2$
 $q = 0.9$

نجد أن التغير في التكرار الجيني يكون :

$$\Delta q = \frac{-0.2 (0.9)^2 (1 - 0.9)}{1 - (0.2) (0.9)^2} = -0.01933$$

وبالمثل ، وباستعمال نفس معامل الانتخاب السابق ($s=0.2$) وعندما تكون قيمة q ($= 0.5$) ، نجد أن $\Delta q = 0.02631$ وعندما تكون q ($= 0.1$)

نجد أن $(\Delta q = -0.001803)$

وعندما يكون معامل الانتخاب (s) ضد المتنحي صغيرا ، فإن التغير في التكرار الجيني سوف يكون بطيئا جدا حيث أن القيمة (sq^2) في مقام المعادلة رقم (٣) السابقة تصبح صغيرة بالمقارنة بالقيمة واحد لدرجة أنه من الناحية العملية يمكن اعتبار قيمة المقام واحد صحيح. وتحت هذه الظروف عدد الاجيال اللازمة (n) لتغيير التكرار الجيني الأولى (q_0) لاي تكرار مرغوب (q_n) يمكن تقديره بالمعادلة التالية :

$$n = \frac{(q_0 - q_n) q_0 q_n + \log_e \left\{ \frac{q_0 (1 - q_n)}{[q_n (1 - q_0)]} \right\}}{s} \quad \text{(معادلة ٤) . . .}$$

(معادلة ٤) =

حيث لوغاريتم $e = 2.71828$

(٣) الانتخاب في غياب السيادة : Selection in the absence of dominance

نفترض حالة تكون فيها مواعة الخليط في المنتصف تماما بين التركيبين الأصليين ، كما يتضح من الاتساق :
 fitness of heterozygote

Genotypes	$A_1 A_1$	$A_1 A_2$	$A_2 A_2$
Fitness	1	$1 - \frac{1}{2}s$	$1 - s$

ويمكن حساب التغير في التكرار الجيني في هذه الحالة من المعادلة التالية :

$$\Delta q = \frac{-\frac{1}{2} qs (1 - q)}{1 - sq}$$

معادلة رقم (٥) . . .

إن الانتخاب ضد الزيجوات عديمة السيادة معادل للانتخاب المباشر ضد

الجاميطات • وعند عمق انتخابى ثابت فان القيمة Δq تتغير بسرعة أكبر عند الانتخاب الجاميطى عما عند الانتخاب الزيجوتى •

وتحت ظروف الانتخاب فى غياب السيادة • نجد أن عدد الاجيال (n) اللازمة للتأثير فى تغير التكرار الجينى الاولى (q_0) لائى تكرار مرغوب (q_n) يكون طبقا للمعادلة التالية :

$$n = \frac{\log_e \left\{ \frac{q_0 (1-q_n)}{[q_n (1-q_0)]} \right\}}{s} \quad \text{معادلة (٦) } \dots\dots$$

e = base of Napierian or natural logarithm = 2.71828

(٤) الانتخاب فى صالح التراكيب الخليطة : Selection favouring Heterozygotes

Stable equilibrium

superior in fitness على كل

تميل التكرارات الجينية الى الوصول الى توازن ثابت
عندما يكون التركيب الخليط متفوقا فى المواءمة
من التركيبين الاصليين •

$$A_1 A_1 = 1 - s_1$$

$$A_1 A_2 = 1$$

$$A_2 A_2 = 1 - s_2$$

فاذا افرضنا أن مواءمة $A_1 A_1$ هى

ومواءمة $A_1 A_2$ هى

ومواءمة $A_2 A_2$ هى

من ذلك نجد أن التغير فى التكرار الجينى للجيل الواحد هو :

$$\Delta q = \frac{pq (s_1 p - s_2 q)}{1 - s_1 p - s_2 q_2} \quad \text{معادلة رقم (٧) } \dots\dots$$

وتكون قيم التوازن Equilibrium values للاليل A_1 (p) وللاليل A_2 (q)

مستقلة عن التكرار الجينى الاولى - ونحدد هذه القيم كلية بواسطة معاملات الانتخاب ضد التراكيب الاصيلة • كما يتضح من المعادلات التالية :

$$\hat{p} = \frac{s_2}{s_1 + s_2} \quad \text{and} \quad \hat{q} = \frac{s_1}{s_1 + s_2}$$

معادلة رقم (٨) ...

Genetic Drift

الانجراف الوراثي :

إن أحد الضوابط الهامة لصحة قانون التوازن الجيني هو افتراض كبر حجم العشيرة (في الحقيقة عدد لانهاى) . ومن ثم فالمعملية التشتتية العشوائية للانجراف الوراثي تصبح ذات أهمية في تغيير التكرار الجيني فقط في العشائر الصغيرة . كما أن التربية الداخلية لا يمكن تجنبها في العشائر الصغيرة . وكما هو معروف فإن التربية الداخلية تقلل من حالة الخلط الوراثي heterozygosity وتزيد من نسبة التناصل الوراثي homozygosity في العشيرة . ومن ثم يمكن القول بأن الانجراف الوراثي يمكنه أن يغير التكرارات الجينية جوهريا من خلال التربية الداخلية . وكما هو معروف من تحليلات مربع كاي ، فإن الانحرافات الكبيرة عن القيم المتوقعة تظهر عادة في العينات الصغيرة . وكلما زاد حجم العينة sample كلما قل الانحراف عن القيم المتوقعة . والانجراف الوراثي يمكن اعتباره - أيضا - كنتيجة مباشرة - لأخذ العينات الجاميطية من مستودع جيني gene pool صغير . والتكرارات الجينية في العشائر الصغيرة تتذبذب عشوائيا fluctuate randomly من جيل إلى جيل ، ما لم تعترضها أحد العمليات التي تؤدي للتوازن .

مثال : بافتراض عشيرة صغيرة حجمها ١٠ أفراد ، كانت في البداية كلها خليطة التركيب الوراثي (A₁ A₂) ، فإن سحب عينات الجاميطات من هذا المستودع الجيني الصغير يمكنه أن يسبب التغيرات العشوائية في التكرارات الجينية الموضحة في الجدول التالي :

Generation	No. of genotypes			Gene frequencies	
	$A_1 A_1$	$A_1 A_2$	$A_2 A_2$	$p = A_1$	$q = A_2$
0	0	10	0	0.50	0.50
1	4	5	1	0.65	0.35
2	7	3	0	0.85	0.15
3	7	2	1	0.80	0.20

وأحيانا قد تتحرف التكرارات الجينية بعيدا لدرجة أن يفقد أحد الأليلات من العشيرة (يصبح تكراره = صفرا) وبالتالي يصبح الأليل الآخر ثابتا في العشيرة (تكراره = 1) .

مثال : بفرض وجود عشيرة صغيرة جدا مكونة من ٤ أفراد ثنائية $Diploid$ منهم تركيبهم $A_1 A_1$ وواحد تركيبه $A_1 A_2$. وهنا نجد ثمانية أليلات مثلة بهؤلاء الأفراد الأربعة . ويكون تكرار الأليل A_2 في هذه العشيرة (q) هو $1/8$ أى 0.125 . فلو فرضنا أن التركيب الوراثي الخليط $the heterozygote$ لا يتكاثر ، عندئذ نجد أن الأليل A_2 يصبح مفقودا في العشيرة ، أى أن ($q = 0$) ومن ثم يثبت الأليل A_1 في العشيرة وتصبح ($P = 1$) .

الحجم التربوي للعشيرة : Breeding size of the population

إن الحجم التربوي $Breeding size$ لعشيرة ما هو عدد الأفراد التي تعطى جاميطات للجيل التالى . والحجم التربوي المؤثر $the effective breeding size (N_e)$ يكون معادلا للحجم التربوي في العشيرة النموذجية . ويشترط في العشيرة النموذجية توفر الشروط التالية :

- (١) أن يكون التزاوج عشوائياً داخل كل سلالة (أو تحت مجموعة من العشيرة) ويشمل ذلك الإخصاب الذاتي حيث يكون بكمية عشوائية .
- (٢) كل جيل مميز ولا يتداخل مع جيل آخر .
- (٣) عدد الأفراد المتزاوجة واحد في كل السلالات وفي كل الأجيال .
- (٤) عوامل التطور تكون غائبة - فلا هجرة ولا طفرة ولا انتخاب .
- والحجم التربوي الموتر (N_e) يشير إلى حجم العشيرة النموذجية والتي يكون سلوكها الوراثي هو نفس سلوك العشيرة تحت الدراسة. وهذا التعريف يسمح بعمل مقارنات بين العشائر المختلفة في الحجم وفي النسبة الجنسية . فعندما يكون عدد الذكور (N_m) غير مساوٍ لعدد الإناث (N_f)، فإن الحجم التربوي الموتر (N_e) يمكن حسابه بالتقريب كالتالي :

$$N_e = \frac{4 N_m N_f}{N_m + N_f}$$

معادلة رقم (١)

مثال : في عشيرة مكونة من ٤٠ ذكراً و ٢٨٠ أنثى - أحسب الحجم التربوي الموتر لهذه العشيرة ؟

الحل : الحجم التربوي الموتر هو :

$$N_e = \frac{4 (40) (280)}{40 + 280} = 140$$

وبناءً على ذلك عندما تكون أعداد الجنسين غير متساوية ، فإن الحجم التربوي الموتر للعشيرة يكون دائماً أصغر من حجم العشيرة ذاتها .

ملحوظة هامة : تتعرض معظم العشائر الطبيعية إلى تذبذبات كبيرة في الحجم قد تكون موسمية seasonal أو سنوية annual أو ربما لفترة أطول. ولتقدير حجم العشيرة الموتر (N_e) خلال أي عدد من الأجيال (n) حيث الجيل الأول له حجم عشيرة موثر هو N_1 إلى آخر جيل له حجم عشيرة موثر قدره N_n يمكن حسابه بالمعادلة التالية :

$$\frac{1}{N_e} = \frac{1}{n} \left(\frac{1}{N_1} + \frac{1}{N_2} + \dots + \frac{1}{N_n} \right) \dots$$

معادلة رقم (٢)

حيث n = عدد الأجيال .

مثال : بغرض وجود ٤ أجيال لعشائر ذات حجم تربوي موثر قدرها ١٠٠ ٨٠٠٠ ٢٠ و ٥٠٠٠ - احسب حجمها التربوي الموثر ؟

طبقا للمعادلة السابقة نجد أن :

$$\frac{1}{N_e} = \frac{1}{4} \left(\frac{1}{100} + \frac{1}{800} + \frac{1}{20} + \frac{1}{5000} \right)$$

فيكون مقلوب القيمة السابقة هو

$$= 0.25 (0.01 + 0.00125 + 0.05 + 0.0002) = 0.25 (0.06145)$$

$= 0.0153625$

$\therefore N_e = 65$

الاستنتاج :

ما سبق يلاحظ أنّ متوسط حجم العشيرة الموثري يكون أقرب ما يكون الى أقل عدد من الأفراد وليس لأعلى عدد خلال عدد من الأجيال . ومن الواضح أن أعلى تأثير على التركيب الوراثي للعشيرة يكون في الأجيال ذات العدد الأصغر في حجم العشيرة .

حجم العشيرة الموثر والتربية الداخلية :

Inbred population

يمكن حساب حجم العشيرة الموثر تسرياً لعشيرة مربية داخلية

$$N_e = \frac{N}{1 + F}$$

بالتقريب طبقا للمعادلة التالية :

حيث N = عدد أفراد السلالة line

F = معامل التربية الداخلية Coefficient of inbreeding

ومعدل التربية الداخلية (ΔF) Rate of inbreeding هو زيادة قيمة

في جيل واحد منسوبا إلى نسبة المواقع الوراثية التي مازالت في حالة خليطة يمكن التعبير

عنه بالمعادلة التالية :

$$\Delta F = \frac{1}{2} N = \frac{N_F + N_m}{8 N_m N_F}$$

حيث N_F = عدد الاناث و N_m = عدد الذكور

مثال : عشيرة مكونة من ١٠ ذكور و ٥٠ أنثى في كل جيل تتزاوج فيما بينها . احسب

معدل التربية الداخلية لكل جيل .

معدل التربية
الداخلية $\Delta F = \frac{50 + 10}{8(10)(50)} = \frac{60}{4000} = 0.015$ or $1\frac{1}{2}\%$ لكل جيل

ويفرض أن الذكور ٥ وعدد الاناث ٥ في المثال السابق - أحسب معدل التربية الداخلية في هذه الحالة .

للكل جيل $\Delta F = \frac{5 + 5}{8(5)(5)} = \frac{10}{200} = 0.05$ Or 5%

ولما كان معامل التربية الداخلية 200
يُعبر عن التزايد النسبي في التراكيب الوراثية الأصلية $\text{inbreeding coefficient (F)}$
حساب التراكيب الخليطة heterozygotes ، فإنه يمكن إجراء المقارنة لمعرفة
التغيرات في التكرارات الجينية داخل عشيرة ما نتيجة للتربية الداخلية :

التراكيب الوراثية	التكرار الأصلي	التغير نتيجة التربية الداخلية
$A_1 A_1$	p^2	$+ pq F$
$A_1 A_2$	$2pq$	$- 2pq F$
$A_2 A_2$	q^2	$+ pq F$

الاستنتاج :

Genetic drift ما سبق نجد أن - أحد التأثيرات الرئيسية للانجراف الوراثي
heterozygosity باعتباره كعملية تربية داخلية - هو التناقص في نسبة الخلط الوراثي
at all loci أو التزايد في تكرار التراكيب الوراثية الأصلية على مستوى كل المواقع الوراثية
سوف ينتج في سلالات مختلفة من العشيرة . وبسبب الطبيعة العشوائية للانجراف
الوراثي ، فإن سلالات مختلفة سوف تميل لأن تصبح أصيلة لتوافيق أليلية مختلفة
ومن ثم فإن تحت العشائر lines or subpopulations المنعزلة سوف تصبح
مميزة وراثيا بعضها عن بعض .

الآثر المشترك للطفرة والانتخاب على التكرار الجيني :

عندما تمارس كل من الطفرة والانتخاب ضغطاً في نفس الاتجاه على التكرارات الجينية في العشيرة ، فإن التغير في التكرار الجيني سيكون أسرع من تأثير كل منهما على حده . لكن لو أن كلا منهما عارض الآخر فإن تأثيرهما سينزل كل منهما الآخر مما يترتب عليه بقاء توازن العشيرة ثابتاً ، وطبقاً لدرجة السيادة نجد ٣ حالات :

(١) بالنسبة لجين متحى كلية fully recessive بتكرار قدره (q)

ومعدل طفرة له قدره (u) ومعامل انتخاب ضده قدره (s) ، نجد

أن قيمة \hat{q} المتوقعة يكون طبقاً للمعادلة التالية :

$$\hat{q} = \sqrt{\frac{u}{s}}$$

(٢) بالنسبة لجين غائب السيادة (أو مشترك السيادة) يكون تقدير تكرار

التوازن equilibrium frequency (\hat{q}) كالآتي :

$$\hat{q} = \frac{u}{s}$$

(٣) وعندما يعمل الانتخاب ضد جين سائد تماماً ، فإن تكرار التوازن eq.freq.

$$\hat{q} = \frac{v}{s - sq}$$

للاليل المتحى يقدر كالآتي :

حيث v هي معدل الطفرور العكسي من المتحى للسائد .

مثال : جين متحى يظهر في عشيرة بمعدل طفرور قدره 10^{-5} ، فإذا كان

معامل الانتخاب الذي يعمل ضده قدره (s=0.001) ، أحسب تكرار التركيب الوراثي

المتحى لهذا للجين عند حالة الاتزان .

$$\therefore \hat{q} = \sqrt{\frac{u}{s}} \quad \therefore \hat{q} = \sqrt{\frac{10^{-5}}{10^{-3}}} \quad \therefore \hat{q} = \sqrt{10^{-2}} = 0.1$$

$$\therefore \hat{q}^2 = (0.1)^2 = 0.1 \text{ or } 1\%$$

وإذا فرض أن معامل الانتخاب s كان ١٠٠٠ ، أحسب تكرار

$$\therefore \hat{q} = \sqrt{\frac{10^{-5}}{10^{-1}}} \quad \therefore \hat{q} = 10^{-2} = 0.01$$

$$\therefore \hat{q}^2 = (0.01)(0.01) = 0.0001$$

أي ١ في كل ١٠٠٠٠ .

أسئلة وتمارين :

- (١) بفرض أنَّ نسبة قدرها (i) من عشيرة كبيرة الحجم تشمل على مهاجرين جُدُد new immigrants في كل جيل ، وأنَّ تكرار الأليل المتحى (a) بين المهاجرين يُرمز له بالرمز q_1 وأنَّ تكرار هذا الأليل بين أفراد العشيرة الأصلية هو q_n ، والمطلوب هو :
- أ - اشتق معادلة يمكن بواسطتها التنبؤ بتكرار الأليل (a) في الجيل التالى (q_1) .
- ب - اشتق معادلة أخرى لحساب قيمة التغير في التكرار الجينى q Δ والذي يحدث بين الأجيال نتيجة للضغط الهجـرى .

الحل :

- أ - لو فرضنا أنَّ (i) هى نسبة المهاجرين من العشيرة ، فأننا نجد أنَّ القيمة ($1 - i$) تمثل نسبة غير المهاجرين فى العشيرة . فبعد حدوث الهجرة نجد أنَّ التكرار الجينى قد تغير من q_n إلى :
- $$q_1 = iq_1 + (1 - i) q_n$$
- $$= iq_1 + q_n - iq_n$$
- $$= i(q_1 - q_n) + q_n$$
- ب - إنَّ التغير في التكرار الجينى q Δ الذى يحدث نتيجة لجيل واحد من الهجرة هو الفرق بين التكرارات قبل وبعد الهجرة : ومن ثم نجد أنَّ
- $$\Delta q = q_1 - q_n$$
- $$= [i(q_1 - q_n) + q_n] - q_n$$
- $$= i(q_1 - q_n)$$

ومن ثم نجد أنَّ الدرجة التى يمكن للهجرة أن تغير التكرار الجينى فى عشيرة ما تعتمد على نسبة الأفراد المهاجرين اليها (i) - وكذلك على الفرق فى التكرارات الجينية بين المهاجرين وبين الأفراد الاصليين داخل العشيرة التى تمت الهجرة إليها ، أى $(q_1 - q_n)$.

الطفور المستحث والطفور التلقائي : Induced & spontaneous mutations

Müller منذ الاكتشاف العظيم الذى توصل إليه هالم الوراثة مولر (١٩٢٢) وهو أن الطفرات يمكن استحداثها صناعيا بمعدل أكبر باستخدام أشعة أكس x-rays ، أوضحت كثير من التجارب أن الأشعاعات ليست وحدها ذات هذه الخاصية بل كذلك الأشعة فوق البنفسجية UV-light والأشعة دون الحمراء Infra-red وكذلك المعاملة الفجائية بالحرارة (الصدمات الحرارية) - وكذلك بعض المواد الكيميائية قد تؤثر بطريقة مباشرة أو غير مباشرة في معدلات الطفرات .

ولقد بين مولر (١٩٣٠) أن حوالي ١% من الطفرور الذى يحدث في العشائر الطبيعية يرجع إلى الاشعاع الموجود في الطبيعة. وعموماً فإن النظرية المقبولة فسي الوقت الحاضر والأكثر احتمالاً هي أن الطفرور التلقائي - تحت الظروف الطبيعية لا يحدث عادة نتيجة عوامل خارجية ، بل عن عوامل داخلية سواء كانت ترجع إلى عدم ثبات كيميائى أو فيزيائى للجين أو نتيجة لتفاعل مواد ينتجها الكائن تؤثر على الجينات غير الثابتة . وهناك أدلة على وجود جينات تؤثر على معدل طفرور جينات أخرى كما هو الحال في السذرة والدروسوفلا وغيرها .

الطفرة العكسية : Back mutation

أثبتت التجارب في كل من البكتريا والدروسوفلا وغيرها من الكائنات الأخرى أن الطفرة قد تكون عكسية - ومعنى ذلك أن الطفرور لا يحدث في اتجاه معين ، فقد يحدث من $A \leftarrow a$ أو من $a \leftarrow A$ في الاتجاه العكسى - إلا أن معدل الطفرور في الاتجاهين مختلف عادة . فحدوث الطفرة من السائد إلى المتنحى يكون عادة أكبر من المتنحى إلى السائد .

وتتوقف الخواص الوراثية للعشيرة على معدل الطفرور في كلا الاتجاهين - وقد سبق مناقشة ذلك .

إلا أنه بصورة عامة فإن الطفرات ذات تأثيرات ضارة ومعظمها يقلل من موافاة أفراد

المشيرة .

تعيين الطفرات : Detection of Mutations

توصل العالم الوراثة مولر لطرق عدة لتعيين معدل حدوث الطفرات وقياسها في حشرة الدروسوفلا .

١ - تعيين الطفرات المستحدثة المرتبطة بالجنس :

سنكتفى بشرح الطريقة التقليدية المعروفة باسم طريقة C1B . كان أول دليل واضح ناجح عن استحداث الطفرات صناعيا هو الذى ذكره مولر عام ١٩٢٧ ، فقد أوضح أنه يمكن استحداث الطفرات بواسطة تعريض الحشرات لأشعة أكس . وكذلك تعيينها بواسطة بطريقة دقيقة وسهلة إذا كانت هذه الطفرات مرتبطة بالجنس فى حشرة الدروسوفلا . وقد أطلق على هذا التكنيك طريقة C1B وذلك لوجود

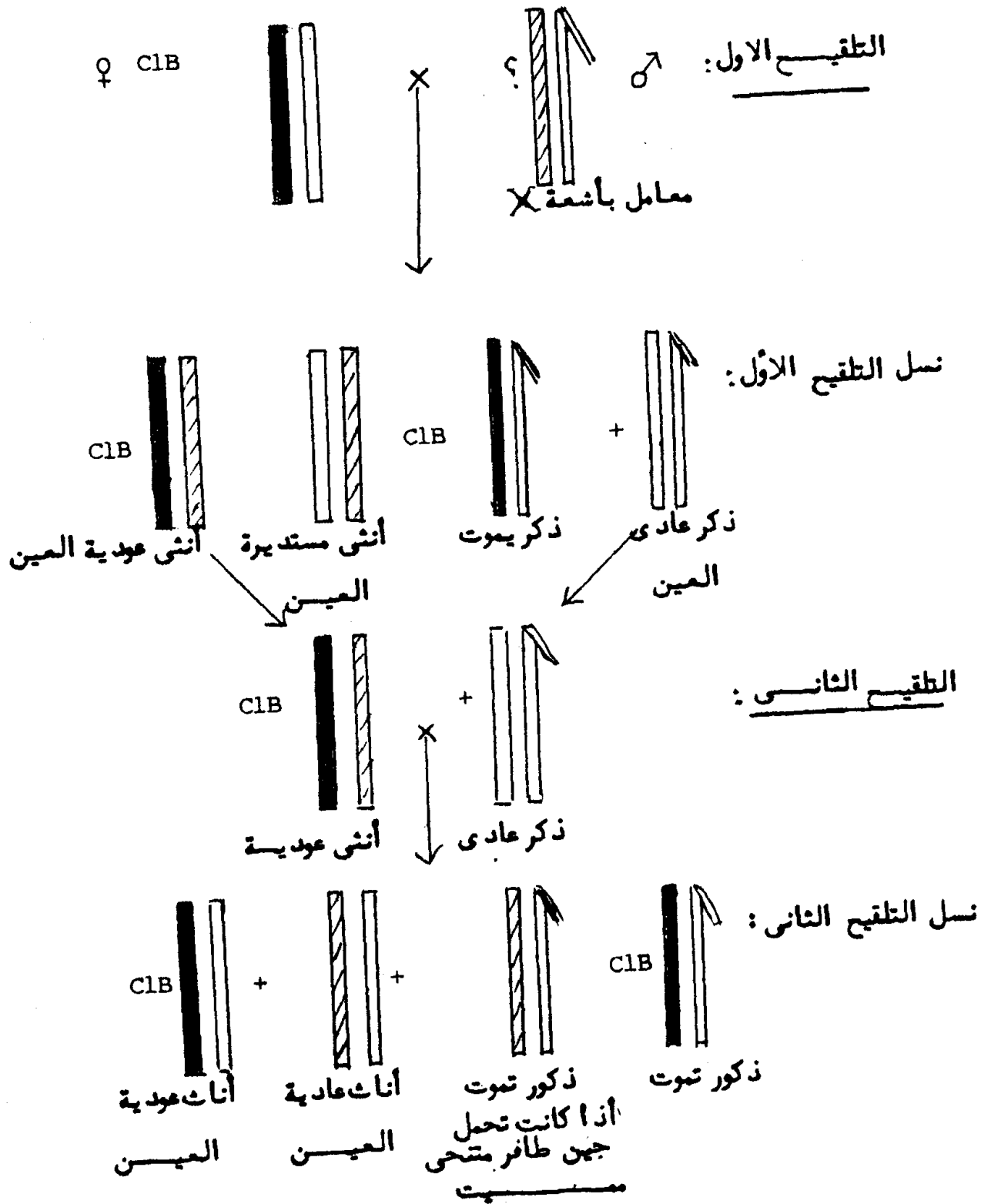
c ثلاثة عوامل أساسية :

تمثل انقلابا كروموسوميا Chromosomal inversion كبيرا يشمل جزء كبيرا من كروموسوم الجنس X - وهو يعمل كمانع للمعبور الوراثة Crossover

Suppressor . لذلك تنتقل الوحدات الجينية الموجودة على هذا الكروموسوم كوحدة واحدة من جيل آخر .

١ تمثل جينا ميتا متحيا على كروموسوم الجنس الحامل للانقلاب .

B تمثل العين العمودية Bar eye وهى طفرة سائدة محمولة أيضا فى كروموسوم الجنس الحامل للانقلاب - وتعمل كجين واسم Marker gene . وتتلخص هذه الطريقة فى استحداث إناث من السلالة C1B خليطة لكروموسوم الجنس . فيكون فى هذه الحشرة احد كروموسومى الجنس هو الكروموسوم الموسوم C1B وبذلك يمكن تمييز هذه الاناث مظهرها حيث تكون عمودية العين . وجميع الذكور الحاملة للكروموسوم C1B تموت حيث أن العامل الميت ١ لا يقابله عامل آخر على كروموسوم Y فى الذكر . فإذا احد تلقى بين ذكور عادية وإناث C1B فإن النسبة الجنسية للنسل الناتج تكون ١ ذكور : ٢ إناث - حيث أن نصف الذكور تموت لاحتوائها على



شكل (١-٣): مخطط يوضح طريقة ClB لتحديد الطفرات المرتبطة بالجنس في الدور سوفلا ميلانوجاستر.

الكروموسوم بينما النصف الآخر (الذى يعيش) يكون مستدير العين. وتتخلص خطوات الاختبار في النقاط التالية :

أ - تلقيح ذكور سبق تعريضها لأشعة أكس لإناث CIB فيكون النسل الناتج مكونا من ٢ أناث : ١ ذكور عادية ، حيث أن نصف الذكور يموت . وتكون الاناث من نوعين : نوع CIB ونوع عادي .

ب - تلحق الذكور العادية مع الاناث CIB الناتجة في النسل السابق. والذكور في هذا التلقيح أخذت كروموسوم x العادي من الاناث CIB الأبوية . أما الاناث CIB في هذا التلقيح فأنها أخذت كروموسوم CIB x من أمها تها وكروموسوم x الآخر من الأب الذى سبق تعرضه لأشعة أكس .

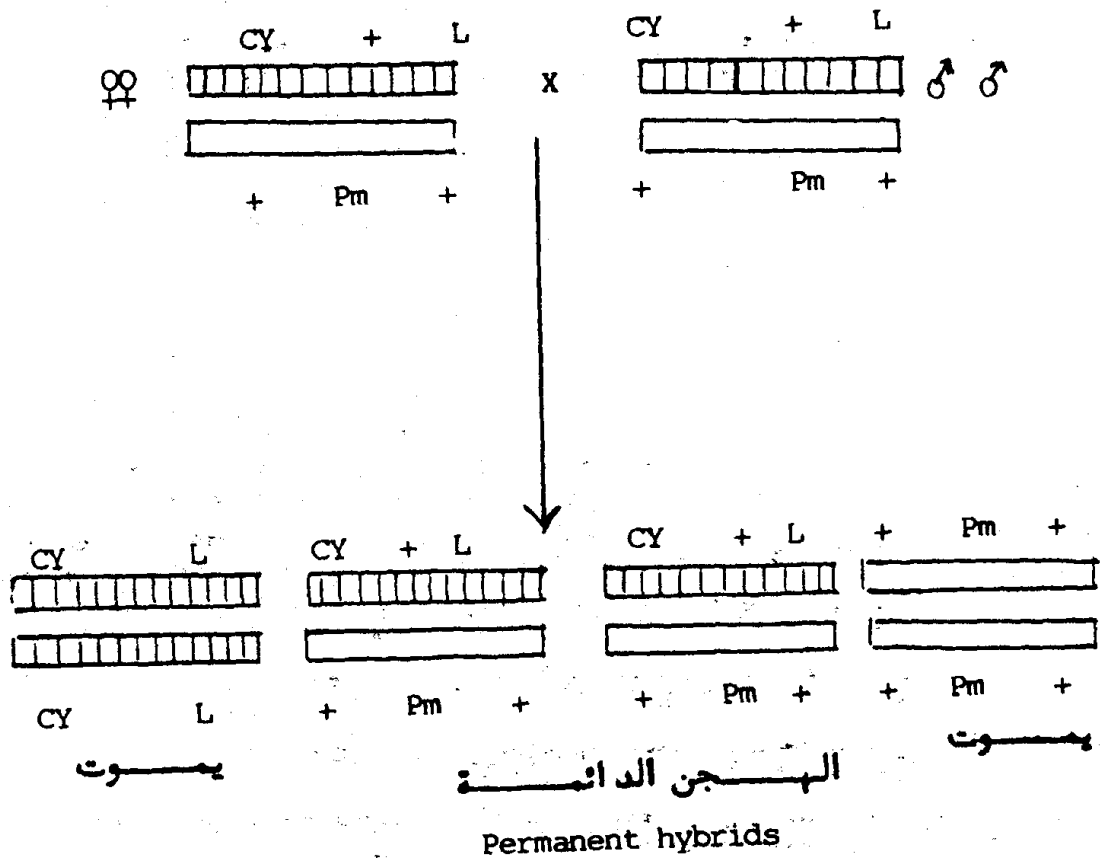
ج - في النسل الناتج من التلقيح المبين في النقطة (ب) يموت نصف الذكور وهى الحاملة للكروموسوم والنصف الآخر إما أن تموت أيضا اذا كان يحمل طفرة ميتة مستحدثة نتيجة لتعرض جده الذكر لأشعة أكس ، أو يحمل طفرة شبه ميتة فتكون نسبته للاناث أقل من ١ : ٢ - أو أنه يحمل طفرة جديدة مرتبطة بالجنس يمكن تمييزها مظهريا كلون العين مثلا. أما الاناث فتكون من نوعين : نصفها عادي العين والنصف الآخر عادي العين . وتكرر التلقيحات للذكور المعرضة للاشعاع - وبذلك يمكن حصر عدد الطفرات المستحدثة . ويمكن تلخيص التكنيك السابق في الرسم الموضح في الصفحة التالية والموضح في الشكل (٣ - ١) .

٢ - تعيين الطفرات المستحدثة الموجودة في الكروموسومات الجسمية في الدروسوفلا :

تعيين الطفرات المحمولة في كروموسومات جسمية عملية شاقة بعض الشيء . حيث أنها تتطلب إجراء عدة تلقيحات أكثر مما في حالة الارتباط بالجنس . وتستعمل أنظمة الجينات الميتة المتوازنة Balanced lethal systems في تقدير معدلات الطفرات في مثل هذه الحالة . وتتخلص الطريقة في الآتى :

يوجد في الدروسوفلا سلالة متوازنة تعرف باسم CYL/Pm وهذه السلالة توجد دائما بحالة خليطة لهذا التركيب الجيني ويطلق على ذلك اصطلاح الهجن الدائمة permaent hybrids. ولا يمكن الحصول على الاطلاق على الافراد الأصلية عن طريق التربية الداخلية

Inbreeding لهذه الهجن ، أي أنه لا يمكن الحصول على التركيبين الأصليين حيث أنهما ممتتان للذباب الحامل لهما - كما يتضح ذلك من الرسم الموضح في الشكل (٢ - ٣) :



شكل (٢-٣) نظام الجينات المهمة المتوازنة - كل كروموسوم يحمل جينا سائدا وانقلابا يمنع حدوث العبور ، ومع أن نصف النسل يموت (التركيب الأصلية) ، إلا أن السلالة صالحة التوالد ، لأن جميع النسل الناتج يشبه الأبوين .

فالجين الطافر "أبعد الجناح" curly wing (CY) ومفصص العين (L)
Lobe eye (كلا الطفرتين سائدتين - عوامل مهمة ذات أثر مرئي سائد وميت متحي)
محولان في أحد كروموسومي الزوج الثاني في الدروسوفلا ، بينما يوجد الجين الطافر
برقوقى العين Plum eyes (Pm) (جين ذو أثر مرئي سائد وميت متحي) على

الكروموسوم النظهر . وكلا الكروموسومين يحمل بجانب ذلك انقلابا لكبت العبور . ومثل هذه السلالات المتوازنة مفيدة جدا في التجارب الوراثية . وقد تحدث تلقائيا فسي الطبيعة كما في الدروسوفلا ونبات الأثوسيرا Oenothera أو صناعيا كما في التعميسر . وحيث أن الطفرات الميئة وشبه الميئة المتحبة والموجودة في الكروموسومات الجسمية توجد دائما في حالة خليطة ، سواء أكانت هذه الطفرات تلقائية أو مستحدثة . لذلك فإن طريقة تمييزها يتطلب الحصول عليها في صورة أصيلة . واستخدام السلالات الميئة المتوازنة يسهل هذا التمييز .

فإذا أردنا تعيين معدل حدوث طفرة متحبة في سلالة من الدروسوفلا ميلانوجاستر فلنأخذ نتبع الخطوات التالية : (أنظر الشكل ٣-٣) :

(١) يؤخذ ذكر من السلالة المراد اختبار الطفرات فيها ليلقح أنثى من

السلالة الاختبارية CY L/Pm

(٢) تؤخذ ذكور من نسل التلقيح الأول وتلقح أنثى من السلالة الاختبارية لينتج نسل التلقيح الثاني . وفي هذا التلقيح يلاحظ أخذ ذكر واحد ووضع مع عدد من الإناث من السلالة الاختبارية في البيئسة الغذائية .

(٣) يتكون نسل التلقيح الثاني من أربع مجموعات هي :

CY L/CYL وهذه توت والباقية تعيش ولكن تجهزها مظهرها ، إحداهما برفقبة العين والثانية ذات جناحين أجمعين ومقصصة العينين ولون العينين برفقبي والثالثة ذات جناحين أجمعين وعينين مقصصتين حمراء اللون .

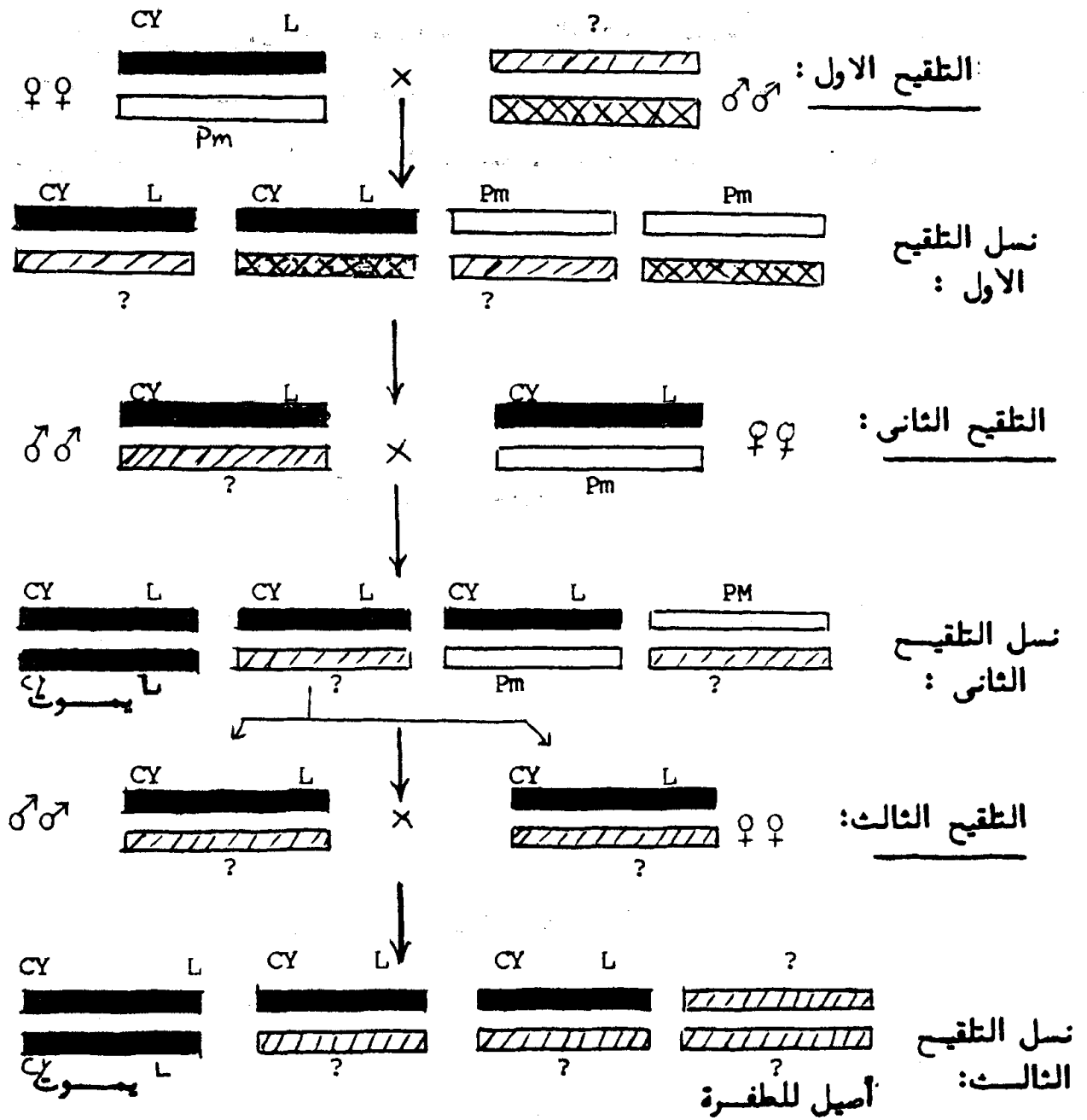
(٤) تؤخذ الإناث الأخيرة (مجمدة الاجنحة - مقصصة العين - حمراء العين

(CY L?) وتلقح مع ذكور من زجاجة للتربية ولها نفس الشكل الظهري (CYL?) لتعطى نسل التلقيح الثالث (أنظر الشكل ٣-١) .

(٥) يلاحظ في هذا الجيل أن النسل يتكون من

أ - ربع النسل يموت لكونه أصيل التركيب CY L/CY L

ب - من بين النسل الذي يعيش نجد أن $\frac{2}{3}$ العدد سيحمل الكروموسوم CY L الثاني المراد اختباره ولوجود الطفرات عالية ، بينما الثلث الباقي من الأفراد التي عاشت سيكون أصيلا لهذا الكروموسوم الثاني المختبر لوجود طفرات عليه . فإذا كان هذا



شكل (٣ - ٣) : تعيين طفرة متحية ذات تأثير

مظهري محمولة في الكروموسوم الثاني في الدروسوفلا ميلانوجاستر

باستخدام السلالة الاختبارية المتوازنة .

الكروموسوم يحمل طافره ميتة فإن الأفراد الأصيلة لم تتحوت ، بينما اذا كانت الطفرة شبه ميتة فإن حيوية الأفراد الأصيلة ستخفض وذلك تكون نسبة هذه الأفراد إلى السى المجموع الكلى الذى يعيش أقل من ٣٣,٣% . وإذا كانت قد حدثت طفرة جسيمة فإن ال ٣٣,٣% من الأفراد الكلية التى عاشت سيظهر عليها هذه الطفرة .

أسئلة وتمارين على التكرار الجينى

(١) ما هو تركيب أفراد الجيل التالى الناتج عن التزاوج العشوائى من العشيرة الاتية :

AA	Aa	aa
٠,١٦	٠,٤٨	٠,٣٦

(٢) أوجد نسبة التراكيب الوراثية الثلاثة فى الجيل التالى فى العشائر الآتية عند تزاوج أفراد كل عشيرة عشوائيا :

AA	Aa	aa
٠,٢٥	٠,١٠	٠,٦٥
٠,٣٠	صفر	٠,٧٠
صفر	٠,٦٠	٠,٤٠

(٣) إثبت أن العشائر التالية فى حالة اتزان :

AA	Aa	aa
٠.٥٠	صفر	٠.٥٠
٠.٣٦	٠.١٥	٠.٤٩
صفر	صفر	١.٠٠
٠.٠٩	٠.١٠	٠.٨١

(٤) أوجد التكرار الجيني والأعداد المتوقعة لمجاميع الدم الآتية مع مقارنة هذه الأعداد مع الأعداد المشاهدة :

الآباء	العائلات	عدد	الأطفال	مجموع الأطفال
		N	MN	M
MxM	٢٠٥	—	—	٥٩٤
MxN	٢٢٦	—	٦٩٨	—
NxN	١٠٤	٣٢٣	—	—
MNxM	٥٨٨	—	٥٨٨	٨٦٠
MNxN	٤٢٦	٦٨٢	٦٨٨	—
MNxMN	٦١٦	٣٦١	١٠٩٤	٤١٧
	٢١٦٥	١٣٦٦	٣٤٦٨	١٨٧١
				٦٧٠٥

(٥) بفرض أن عشيرة أولية تحتوى على التراكيب الوراثية الآتية :

المجموع	aa	a'a	a'a'	Aa	Aa'	AA
١.٠٠	٠.٣١	٠.٢٨	٠.٠٦	٠.١٠	٠.٢٠	٠.٠٥

فما هو تركيب هذه العشيرة في الجيل التالي تحت ظروف التزاوج العشوائى —
هل هذه العشيرة في حالة أتزان ؟

(٦) اذا فرض أن تكرار جين اللون الكامل A في الأرانب هو ٠.٥ و أن

تكرار جين الهيملالايا a' هو ٠.١٥ وأن تكرار جين الألبينو a هو ٠.٨٥ -
فما هي نسب التركيب الوراثي واللون الناتج عن ذلك في عشيرة متزاوجة عشوائيا .

(٧) في عشيرة من بنى الانسان وجدت مجاميع الدم الآتية :

المجموع	AB	B	A	O
٤٢٢	٦	٣٥	١٧٩	٢٠٢

أوجد قيمة كل من : p , q , r

(٨) أوجد قيمة كل من : p , q , r في العشيرة الآتية:

المجموع	AB	B	A	O
٢٠٤٦	١٢٥	٤٧٦	٧٥٦	٦٩١

(٩) إذا فُرض أن العشيرة الأصلية تتكون كالاتى :

ذكور أنثى

AA	Aa	aa	A	a
٠.١٠	٠.٢٠	٠.٧٠	٠.٢٠	٠.٨٠

فما هو الناتج عن هذه العشيرة تحت التزاوج العشوائى .

=====

الباب الرابع

تعدد المظاهر الوراثي والنشوء والتطور الجزيئي

Genetic Polymorphism, Speciation and Molecular Evolution

مقدمة :

تناولنا في الباب السابق القوى التطورية التي تؤدي إلى تغيير البنيان الوراثي للعشائر النموذجية (المندلية) . وفي هذا الباب سوف نتناول العشائر الطبيعية من وجهة نظر تعدد مظاهرها الوراثية وكيفية استمراريتها هذه الظاهرة ، وما يترتب عليها من نشأة الأنواع وعلاقة ذلك بالتطور على المستوى الجزيئي .

تعدد المظاهر الوراثية Genetic Polymorphism :

كما ذكرنا في الباب الأول ، بين كل من ليقونتين وهابي عام (١٩٦٦) وجود كثرة من تعدد مظاهر البروتين في عشائر الدروسفلا سيد و أبكيور *D. pseudoobscura* الطبيعية . وتشير هذه الظاهرة المنتشرة في كل عشائر الكائنات الحية الطبيعية ، كما ثبت ذلك أخيراً ، إلى وجود كم هائل من التباين الوراثي خلف تعدد المظاهر . ولتقدير هذا التباين ، يقوم علماء وراثية العشائر بتحليل أعداد كبيرة من الأفراد في عشيرة ما للبحث عن الأليلات لعدد وفير من المواقع الجينية . ويتم ذلك باستخدام التفريغ الكهربائي electrophoresis للبروتين لتحديد المتغيرات Variants المتماثلة كهربياً لنواتج البروتين التي يسيطر عليها كل موقع جيني . ويستدل من هذه المتغيرات على وجود الأليلات المختلفة للجين . ومن قوانين الاتزان الوراثي يتم حساب نسبة الخلط الوراثي في العشيرة . وتبين النتائج المنحصلة عليها وجود نسبة خلط تتراوح ما بين ٢٠ - ٥٠ % في مواقع الجينات المختلفة للفرد الواحد في العشيرة النموذجية .

وكشال لذلك ، قام كل من باول (Pawel) ورشموند Richmond

باجراء دراسة على الموقع الجينى To في الدروسوفلا بوليستورم *D. paulistorum* وهو جين مرتبط بالجنس وشفر لانزيم يسمى تترازوليم أوكسيديز (tetrazolium oxidase) عن طريق تحديد المتغيرات الكهربائية لهذا البروتين . ولقد اتضح لهما أن العشائر البرية من هذه الحشرة والمنتشرة في مناطق جبال الأنديز البرازيلية تحمل ألييلات للمتغيرات الالكتروغورية السريعة (F) والبطيئة (S) وأن هذين الأليلين لهما تحت ضغط انتخابي ملحوظ . وتحليل عدد كبير من الأفراد استنتج أن أحده كروموسومى X يحمل ألييلات $a_1 b_2 c_1 Fd_2$ ، والآخر يحمل $a_2 b_2 c_1 Fd_1$. وأن حوالي ٨٠% من الذباب برى الطراز كان خليطاً للألييلات F/S . وهنا يبرز سؤال : ما هي الأسباب المسئولة عن بقاء هذه النسب العالية من الخلط الوراثى ؟ . وتبين الدراسات المتعمقة أن هناك ثلاثة أسباب أساسية قد ينشأ من خلالها ويستديم تعدد المظاهر الوراثى في العشائر الطبيعية ، حيث تتكون نماذج وراثية متباينة :

أ - تعدد المظاهر الموقت .

ب - تعدد المظاهر المتوازن .

ج - الثبات العشوائى للطفرات المحايدة .

وتختلف هذه الأسباب في مدى مساهمتها النسبية في الأحداث التطورية .

Transient Polymorphism

أولاً : تعدد المظاهر الوراثى الموقت :

يمثل هذا النوع من تعدد المظاهر ناتجاً جانبياً للانتخاب الطبيعى الموجّه . فإذا فرضنا أن أليلا مثل a_1 ذو ميزة انتخابية على قرينه الأليل a_2 ، فبمرور الزمن وتماقب الأجيال لابد أن تكرر a_1 يتزايد في العشيرة متجهاً ناحية الثبات عندما تصل قيمة تكراره ، ولتكن P إلى واحد صحيح ، وعلى النقيض نجد أن تكرار الأليل a_2 يتناقص بنفس المعدل في اتجاه الانقراض إلى أن يصل تكراره وليكن q إلى صفر . وخلال الزمن الذى يحدث فيه ذلك نجد أن a_1 و a_2 متواجدان في المستودع الجينى للعشيرة وكذلك الأفراد ذوى التركيب الوراثى الخليط (a_1/a_2) موجودون في العشيرة ذاتهم .

ويعتبر تعدد المظاهر الموقته حالة عابرة ، فإذا كان الانتخاب يعمل بسرعة ، فلا بد أن تكون الحالة الموقته واضحة المعالم . ولتوضيح ذلك نسوق المثال التالي من الانتخاب الموجة *directional selection* . تعتبر حالة الاسوداد الصناعي *industrial melanism* من أكثر الأمثلة اقتباسا في العشائر الطبيعية . لوحظ

في انجلترا أنّ معظم أنواع الفراش ، وخاصة النوع المسمى بالفراش الفلغلر (*Biston betularia*) يتجمع على جذوع الأشجار عندما لا يكون في حالة طيران . وقبل عصر التقدم الصناعي لاحظ الباحثون انجلترا أن جذوع كثير من الأشجار في الريف الإنجليزي وفي الحضره تتغطى بأشنيات ذات لون رمادي فاتح ، كما لاحظوا أن لون الفراشات الفلغلية في الطبيعة مماثل لهذه الأشنيات . وعندما انتشرت الصناعة خلال القرن التاسع عشر لوحظ موت الأشنيات نتيجة سقوط السناج (soot) الناتج من المصانع على جذوع الأشجار ، مما تترتب عليه اسوداد هذه الجذوع . وفي منتصف القرن التاسع عشر ظهر نوع جديد من هذا الفراش ذو لون داكن . لكن بمرور الزمن أصبح هذا الطراز السود من الفراش أكثر انتشارا . وفي وقتنا الحاضر ينتشر هذا الفراش بكثرة في المناطق الصناعية من انجلترا مثل برمنجهام وما نشيستر .

وتحليل الحالة من وجهة نظر وراثية العشائر ، أُسْتُخِجَ أنّ بعض العوامل الانتخابية تعمل ضد الفراش الفاتح في المناطق الصناعية وضد الفراش الأسود في المناطق الريفية . ولقد أوضح العالم كيتلويل H. Kettlewell طبيعة هذه العوامل فقد لاحظ أنّ أنواعا مختلفة من الطيور تغترس فراشة البستون كغذاء لها . فقام بإجراء تجربة أطلق فيها أعدادا معروفة من الفراشات الداكنة في غابات المناطق الريفية وفراشات باهتة في غابات المناطق الصناعية ، ثم لاحظ احتمالاتها لأن تصبح فريسة بالمقارنة بنوع الفراش الفلغل المبتوطن . وبينت النتائج بنتهي الوضوح أنّ الأشجار المحملة بالسناج توفر تغطية جيدة للفراشة السوداء بالمقارنة بالفراشة الباهتة مما يوفر فرصة للبقاء للطراز الأسود أكثر من الطراز الباهت . وكان العكس صحيحا بالنسبة للأشجار المغطاة بالأشنيات .

ما سبق ظهر أنّ العوامل الانتخابية هي الطيور والسناج الصناعي . ولقد أعطى هذا التداخل نتائج مثيرة خلال فترة زمنية قصيرة نسبيا . ويرجع السبب

إلى قوة عوامل الانتخاب في المقام الأول ، وجزئيا لسبب وراثي : تتكون الفراشة الداكنة نتيجة لوجود الأليل السائد B وهو غير موجود في الطاقم الجيني للفراشة الباهتة b/b . وحيث أن الأفراد الأضيلة B/B والخليطة B/b يتوافر لها الحماية في المناطق الصناعية ، فإن الأليل B يكون قادرا على الانتشار أسرع كثيرا جدا عن الأليل المتنحي b تحت نفس الضغوط الانتخابية .

والطراز الميلاني من فراشة البستون ، الموجود في الوقت الحالي ، أكثر دكارة في اللون بالمقارنة بالطراز الذي جُمع منذ حوالي ١٥٠ عاما ، مما يشير لوجود أليلات آخر منتجة للصبغة بالإضافة للأليل B تدخل حاليا في عملية الاستبقاء بواسطة الانتخاب الطبيعي . وفي النهاية نستطيع أن نقرر حقيقة وهي أن الانتخاب كان موجها باحتمال أكبر لموقع جيني واحد .

ثانيا : تعدد المظاهر المتوازن :

Balanced Polymorphism

يمثل تعدد المظاهر المتوازن نوعا من التوازن الدائم نسبيا في العشيرة الطبيعية وفي هذه الحالة نجد مثلا الأليلين a_1 و a_2 موجودين في العشيرة بتكرارات ثابتة نسبيا . وتعارض تعدد المظاهر المتوازن بوضوح مع الحالة تعدد المظاهر الموقتة الذي تدفع فيه أليلات الجينات ناحية الثبات أو الاستبعاد .

وتعدد المظاهر المتوازن هو الحالة المتوقعة للعشيرة المندلية التي لا تتغير فيها التكرارات الأليلية عند الوصول إلى حالة الاتزان . وحيث أن غالبية العشائر الطبيعية تعطى دليلا غير كاف على هذه النمذجية ، فيعتقد أن ميكانيكيات أخرى المسئولة عن الاحتفاظ بحالة الخلط الوراثي عند مستوى توازن معين .

ويقترح علماء وراثة العشائر والتطور وجود نوعين من الميكانيكيات مسئولين عن

تعدد المظاهر المتوازن :

(١) النوع الأول : قد تتعرض عشيرة ما لعدد مختلف من عوامل التطور التي تُزيل تأثيراتها بعضها البعض . فعلى سبيل المثال يمكن للضغط الطفرى أو الهجرى أن يدخل الأليل a_1 باستمرار في عشيرة ما ، بينما قد يستبعد الانتخاب الموجه

باستمرار لصلحة الأليل a_1 . وطالما بقيت الضغوط التطورية ثابتة وقسوى مُعدّل دخول الأليل a_1 أعلى نسبيا عن معدل استبعاده (أو العكس) ، فلسوف تثبت حالة الخلط الوراثي في الموقع الجيني a . وتعرض عشيرة طبيعية ما لقُوى متعارضة يمكن تجاهله وتعتبر العشيرة في هذه الحالة وكأنها في حالة اتزان وراثي .

(٢) النوع الثاني : والميكانيكية الثانية هي أنّ الانتخاب بفرد يعمل على تكمين توازن من الأليلات . وهذا النوع من الانتخاب من الواضح أنه مختلف عن الانتخاب المُوجّه والذي يقود العشيرة إلى الثبات أو الاستبعاد للآليلات . ومطلق على هذا النوع اسم الانتخاب الموازن ، ودرس منه نـوهان :

١ - الانتخاب المخلخل أو للنوع : Disruptive or diversifying selection

ويظهر هذا النوع من الانتخاب عند ما تستوطن عشيرة ما بيئة غير متجانسة . ولايضاح ذلك ، دعنا نتخيل عشيرة كهذه . عز ذات طراز مظهرى أثبت أنه ناجح في بيئة معينة ، وطراز مظهرى آخر يكون أكثر نجاحا في بيئة أخرى . فإذا فرضنا أنّ الأول يهتمد على تركيب وراثي a_1/a_1 ، والثاني على تركيب وراثي a_2/a_2 ، وتجنح العشيرة ككل بصورة أفضل عند ما تقطن كلا من البيئتين ، إذن فلا بد أن a_1 و a_2 يحتفظ بهما في حالة متوازنة تقريبا .

ومعتبر العالم باول (Paul) من أوائل من بينوا بالتجربة أنّ التباين البيئي يمكنه أن يَنحِط التنوع الوراثي . قام باول بجمع ذباب من عشيرة طبيعية من الدروسوفلا ولستونياي *D. Willistonii* وقسمه إلى ٤ مجموعات في أنفاص عشائر واحتفظ بها تحت ظروف أربعة أنظمة بيئية مختلفة :

- للبيئة الأولى ثابتة بقدر الامكان .
 - البيئة الثانية نوع فيها الإمداد الغذائي أثناء فترة التجربة .
 - البيئة الثالثة نوع فيها الإمداد الغذائي وبيئة النمو .
 - البيئة الرابعة نوع فيها الإمداد الغذائي وبيئة النمو ودرجة الحرارة .
- وبعد ١٥ جيلا (حوالي ٤٥ أسبوع) ظهر الاتى : أظهر ذباب البيئة الثابتة حوالي ٨% من الخلط الوراثي للفرد الواحد ، بينما أظهر ذباب البيئة المتغيرة ثلاثية المتغير حوالي ١٣% خلطا . فإذا افترضنا أنّ البيئة الطبيعية أكثر تعقيدا من

البيئات الصناعية التي سبق ذكرها ، فإن نتائج هذه التجارب تدعّم بصورة واضحة أن نسبة كبيرة من الـ ١٨٪ خلط في هذا الكائن تتأثر بالانتخاب المُنوّع .

ب - أفضلية التركيب الجيني الخليط : Heterozygote advantage

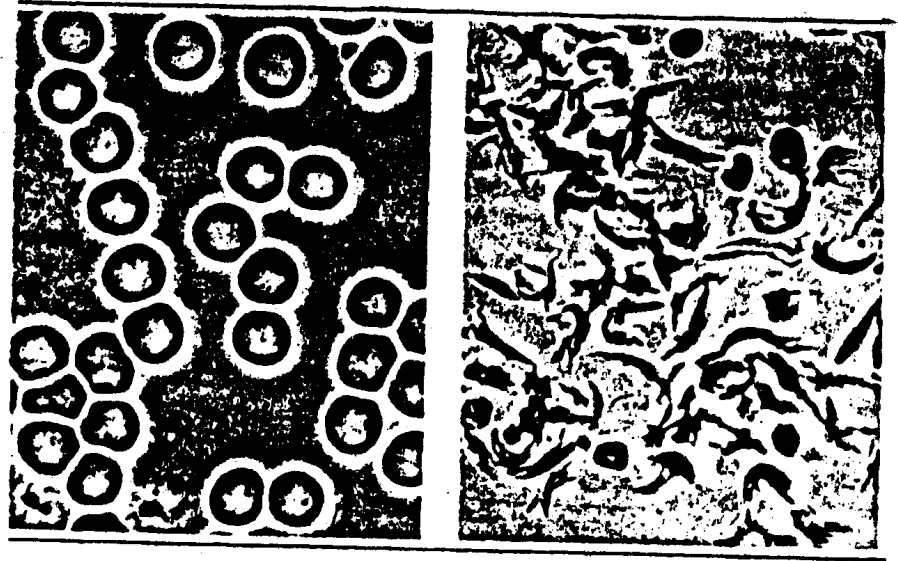
يحدث النوع الثاني من الانتخاب المُوازن عندما يَظهر فرد خليط وراثيا لموقع جيني (A/a مثلا) درجة أكبر من المواءمة $Fitness$ لظروف بيئية عن أيّ من التركيبين الوراثيين الأصيلين (A/A و a/a) وهذه المواءمة العالية هي التي تُحفّز الاحتفاظ بحالة الخلط في المشيرة . وتعتمد ظاهرة "أفضلية الخليط" على التواجد المتزامن لقوتين متضادتين من قوى الانتخاب ، إحداهما تعمل ضد مواءمة التركيب a/a والآخرى ضد A/A بالنسبة للتركيب A/a . ولتفهم هذه الظاهرة المنتشرة في العديد من عشائر الكائنات الحية وضمنها الانسان ، نسوق بـمـعـضـف الأمثلة .

المثال الأول : أفضلية الخليط لمرض أنيميا خلايا الدم المنجلية في الانسان : يعتبر هذا المثال من أشهر الأمثلة المعروفة عن أفضلية الخليط في العشائر الآدمية .

فمن المعروف أن سلسلة بيتا β للهيموجلوبين الآدمي تقع تحت السيطرة الوراثية لآليل الخلايا المنجلية Hb^S ، وتختلف هذه السلسلة الببتيدية عن السلسلة العادية في حمض أميني واحد في الموقع رقم ٦ من تتابع الأحماض الأمينية كما يتضح من التتابع التالي لكلا السلسلتين العادية والطافرة :

الطرفن - قال - هس - ليو - ثر - برو - جلو - جلو - ليس . . . (عادية)
الطرفن - قال - هس - ليو - ثر - برو - قال - جلو - ليس . . . (طافرة)
وعندما تُشتمل سلسلة بيتا الطافرة في جزيء الهيموجلوبين $B_2 \alpha_2$ ، فإن

البروتين المتكوّن والمعروف بـ هيموجلوبين S يكون أقل قابلية للذوبان عن الهيموجلوبين العادي والمسمى A عند انخفاض تركيزات الأكسجين في الخلايا . وهذا يرجع إلى وجود الحمض الأميني فالين المتعادل فيها بدلا من حمض الجلوتاميك المشحون كهربيا . وترتب على ذلك أن تأخذ خلايا الدم الحمر شكلا منجليا بدلا من الشكل القرصي العادي عند تركيزات الاوكسجين المنخفضة (أنظر الشكل ٤ - ١) .



شكل (١-٤) : صورة لخلايا الدم الحمر العادية (شمال) وأخرى لخلايا الدم المنجلية (يمين) .

ويتخلف في الأفراد الأصليين للآليل المتحى (Hb_P^S / Hb_P^S) الهيموجلوبين S (والهيموجلوبين F الجنينى) . وهذا التركيب الوراثى المتحى نادرا ما يصل حائله إلى مرحلة البلوغ تحت الظروف المعيشية البدائية (بالرغم من أنهم يعيشون في المجتمع الحديث) . ويطلق على هؤلاء الأفراد مَرَضَى أنيميا الخلايا المنجلية . أما الأفراد الخليطون (Hb_P^A / Hb_P^S) فلا تظهر عليهم الأعراض بدرجة واضحة ، بالرغم من احتواء خلاياهم الحمر على نسب متساوية من نوعى الهيموجلوبين S و A ، ويقال عن هؤلاء الأفراد بأنهم حاملون لصفة الخلايا المنجلية . ولأنّ المواءمة النسبية للتركيب الوراثى الأصلى (Hb_P^S / Hb_P^S) تكاد تقرب من الصفر $(s \approx 1)$ ، فإن قواعد الانتخاب المؤجّه قد تتبأ بأن تكرر الاليل Hb_P^S في عشيرة ما لا بد وأن يكون صفرا أو قريبا من الصفر . وقد ثبت هذا التوقع في العديد من العشائر الآدوية التى يغيب فيها الاليل كلية . وفي بعض العشائر الآدمية الأفريقية والآسيوية يقدر تكرار الاليل Hb_P^S ما بين ٠.١ إلى ٠.٢ . وبيّنت التقديرات أن حوالى ١٠% من الزنوج الأمريكيين (من أصل أفريقى) ، خليطون لهذا الجين . وبناء على ذلك فلا بد أن هناك عاملا ما يمنع انقراض هذا الاليل في بعض العشائر .

ولقد بينت الدراسات التى أجريت على العشائر الآدمية التى تحطن المناطق

الاستوائية في القارة الأفريقية أن طفيل الملاريا ، والذي يأخذ الشكل المنجلي ، ينتشر في هذه المناطق ويقتل سنويا ما بين ١٥ إلى ٢٠ طفلا من كل ألف . كما أن تأثيره على هذه العنصر ما زال كبيرا . كما لوحظ أن كثيرا من هؤلاء الأشخاص الذين يستوطنون هذه المناطق ويموتون بمسببات أخرى ، يضعفون من الملاريا لدرجة أن قابليتهم للإصابة بكل الأمراض الأخرى تتزايد بدرجة كبيرة . وعند مقارنة التوزيع التكراري لجين الخلايا المنجلية في كل من آسيا وأفريقيا مع توزيع انتشار طفيل الملاريا عالى التوطن ، وجد أن هناك تلازما عاليا وملفتا للنظر ، مما حدا بالباحثين إلى اقتراح أن طفيل الملاريا يخدم في عمل توازن للتأثيرات الضارة لجين أنيميا الخلايا المنجلية ، لدرجة أنها تحتفظ بالجين (الاليل) Hb^S_B . فكيف يحدث هذا التوازن ؟ والإجابة هي أن الأفراد الخليطين وراثيا لجين الخلايا المنجلية ($Hb^S_B / Hb^S_B +$) لديهم درجة عالية من المقاومة للملاريا بالمقارنة مع الأفراد الأصليين للاليل العادي $Hb^S_B / Hb^S_B +$ (المقاومة النسبية للأفراد Hb^S_B / Hb^S_B تعتبر صفرا لموتهم في مرحلة الطفولة المبكرة) .

ولقد أمكن تفسير "مقاومة الخليط" على أساس نمو الطفيل ذي الشكل المنجلي داخل خلايا الدم المحمر للإنسان . ولقد أوضحت الصور الميكروسكوبية لخلايا الدم المحمر للأفراد الخليطة أنها تأخذ الشكل المنجلي عندما تدخل الأوعية الدموية الشعرية ، والتي يكون فيها تركيز الأكسجين منخفضا بوجه خاص . وبدون عملية المنجلة sickling هذه تعطل نمو طور ما في دورة حياة الطفيل فتقطع دورة الإصابة . وحيث أن خلايا الدم المحمر العادية لا يمكنها أن تأخذ الشكل المنجلي ، فإن الأفراد العاديين $Hb^S_B / Hb^S_B +$ لا يمكنهم التمتع بهذه الحماية من العدوى بطفيل مرض الملاريا ، ويكون لديهم قابلية تامة للإصابة .

قياس تعدد المظاهر المتوازن بواسطة أفضلية الخليط :

لو افترضنا أن عشيرة طبيعية بها تكرارات التراكيب الوراثية A/A و A/a و a/a هي p^2 ، $2pq$ ، q^2 على التوالي قبل أن يحدث الانتخاب ، وأن القيم s و t تمثلان معاملات الانتخاب ضد التركيبين (الأصليين لذلك نجد أن :

$$A / A \text{ موائمة الأفراد} = 1 - s$$

$$a / a \text{ موائمة الأفراد} = 1 - t$$

وتكون موائمة الأفراد الخليطين = ١ ، ومن ثم ، فعقب الانتخاب نجد أن نسبة

$$A / A = p^2 (1-s) \quad \text{الأفراد } A / A \text{ هي :}$$

$$A / a = 2 pq \quad \text{نسبة الأفراد } A / a \text{ تظل } 2 pq \text{ ، أي}$$

$$a / a = q^2 (1-t) \quad \text{وتصبح نسبة الأفراد } a / a \text{ هي :}$$

$$\text{ومن ثم تصبح المشيرة الكلية مساوية لـ } 1 = [p^2 (1-s) + 2 pq + q^2 (1-t)]$$

$$\text{أي تساوي : } 1 - p^2 s - q^2 t$$

في هذه الحالة وعندما تكون s لا تساوي واحداً ، فيعبر عن التعبير في القيمة q خلال جيل واحد بالرمز Δq ، ولما كان في حالة تعدد المظاهر المتوازن يجب ألا يكون هناك تعبير في قيمة q لذلك يفترض أن تكون قيم s و t تساوي صفراً ، أي أن تكرر التوازن لـ q في حالة قوة هجين متزنة يعبر عنه بالمعادلة :

$$\hat{q} = \frac{s}{s + t}$$

ومن ثم يكون التعبير في التكرار طفيفاً جداً .

مثال تدريبي : لو طبقنا المعادلة السابقة على جين الخلايا المنجلية نجد الأتي

$$A \text{ ترمز للآليل المادي} + \text{ و } a \text{ ترمز للآليل الطافر} \quad Hb_P^s$$

$$\text{فاذا فرضنا أن } t \text{ هي معامل الانتخاب ضد الأفراد المتحبة الأصلية } Hb_P^s / Hb_P^s$$

$$\text{وأن قيمتها تساوي } ١ \text{ ، وأن معامل الانتخاب } s \text{ ضد الأفراد الأصلية}$$

$$+/+ \text{ تساوي } ٠.٢٠ \text{ ومن ثم نجد أن } \hat{q} \text{ تكون :}$$

$$\hat{q} = \frac{0.25}{0.25 + 1} = 0.2$$

بينما لو كانت $s = 0.1$ ، فإن قيمة \hat{q} سوف تساوى ٠.١٠
وبناءً على ما سبق ، فإن تكرار جين الخلايا المنجلية في العشائر الأفريقية يقدر حالياً
ما بين ٠.١٠ إلى ٠.٢٠ ، ومن ثم فيفترض أن قيمة معامل الانتخاب s تتراوح ما بين
٠.١٠ إلى ٠.٢٥ .

المثال الثانى : أفضلية الخليط لمرض التليف الحوصلى Cystic Fibrosis

يوضح هذا المثال تمتع فرد خليط بأفضلية تكاثرية على كلٍّ من التركيبين الأصليين
فالاطفال الأصليون لاليل التليف الحوصلى المميت يعطون دليلاً عن المرض في مرحلة
الطفولة . ومن ثم فالآباء الخليطون لمثل هؤلاء الأطفال كثيراً ما يتخذون قراراً ضد
إنجاب مزيد من الأطفال خوفاً من خطورة إنجاب طفل مصاب بهذا المرض . لذلك
فلا معنى لتحليل عدد النسل لآباء طفل عند "تليف حوصلى" ، وبدلاً من ذلك تدرس
أحجام العائلات لأجداد الأطفال .

وتبين الدراسات التى أجريت في هذا المجال أن متوسط نسل الأجداد الحاملين
لاليل التليف الحوصلى كان حوالى ٤٣٤ فرداً ، بينما كان هذا المتوسط للأجداد
العاديين هو ٣٤٣ فرداً . وهذا الفرق الجوهرى في الأفضلية التكاثرية للخليط لهذا
الجين لا يفسر ميل الأزواج الخليطين لإنجاب نسل أكثر - وربما يكون التفسير
يرجع إلى :

- معامل إجهاض تلقائى منخفض .
- رغبة نفسانية لإنجاب أطفال أكثر .
- لكن النتيجة تقترح وجود قدرة تكاثرية أعلى كأساس لعدد المظاهر المشاهدة .
- وتعتبر ظاهرة قوة الهجين Heterosis المشاهدة في كثير من نباتات المحاصيل
الزراعية وأشجار الغابات وحيوانات المزرعة وغيرها من أهم الأمثلة على أفضلية الخليط
وتطبيقاتها العملية .

مرض تاي - ساكس و أفضلية الخليط :

Tay-Sachs Disease and Heterozygote Advantage

عندما يتأصل عدد من الطفرات الضارة في المستودع الجيني الآدمي يؤدي ذلك إلى تكوين تنوع من الأمراض تعرف في مجملها بأمراض التراكم الليسوسومي "Lysosomal storage diseases". والفرد المصاب بهذه الأمراض ينقصه تخليق إنزيم ليسوسومي خاص مسئول عن تحليل نوع من الجزيئات الضخمة (سكر معقد مد هسن هسروتين - حمض نووي) في أنسجة الفرد .

ومن أكثر أمراض التراكم هذه : مرض تاي - ساكس الذي ينتشر في العشيرة اليهودية في الولايات المتحدة الأمريكية . وهذا المرض يتسبب عن جين متحى *hexA* محمول في الكروموسوم الآدمي رقم ١٥ . والأطفال المصابين بالمرض *hexA/hexA* (N-acetyl hexosaminidase A) مَعِينُونَ وراثتها في إنزيم يسمى ن - أسيتيل هكسوسامينيداز وعادة يَفْصِم هذا الإنزيم مادة الهكسوسازامين الطرفي من دهن غدة عصبية في المخ تعرف بعقدة GM_2 . وفي الأطفال المصابين بمرض تاي - ساكس تتجمع مادة الـ GM_2 العصبية التي لم يحدث لها تشييل داخل المخ . مما يؤدي لاضحلال مخي ثم الموت في عمر لا يتجاوز ثلاث سنوات . وبين الجدول (٤ - ١) ، ص ١١٣ بعض الإحصاءات الخاصة بهذا المرض .

وكما يتضح من الجدول فإنَّ سبب الحالات تصيب أطفال من آباء غير يهود في الولايات المتحدة . إلا أنَّ الاليل ينتشر بوجه خاص بين أنسال اليهود الاثني عشر الذين انفصلوا من السفارديين (البحر الأبيض) واليهود الشرقيين في عام ٧٢ بعد الميلاد والذين هاجروا إلى أوروبا . وعند فحص أخوة عائلات معروف أنها تحمل اليل تاي - ساكس ، فإنَّ معدل قابلية الحياة يكون أعلى بدرجة جوهية عما في عائلات خالية من الاليل . مما يُلغِز أنَّ المقاومة لمرض غير مُمَيِّز في مرحلة الطفولة قد يعطى الأفراد الخليطين أفضلية حيث يكون الاليل مُعْتَظاً به قِيسهم .

جدول (٤ - ١) : إحصاءات عن مرض ثاى - ساكنى فى الولايات المتحدة الأمريكية :

المشيرة	مجموع المشيرة	عدد المواليد منها	تكرار الأصل	تكرار الأليل	العدد السنوى للحالات الكلية	تكرار الخطأ	المجموع للخطئين
اليهمى	٦١٨٢٠٠٠	١٠٧٥٦٧	٠٠٠٠٠١٦	٠٠١٢٦	٢٢	٠٠٠٢٦	١٦٠٧٣٢
غير اليهمى	٢١٥٤٩٢٣٢٦	٣٧٤٧٨٤٤	٠٠٠٠٠٠١٧	٠٠٠١٣	٨	٠٠٠٢٩	٦٢٤٦٤١

من كتاب : الرواة - تأليف أرسولا جونينغ ١٩٧٨ - الطبعة المراجعة ١٩٨٢ - ترجمة د . هاشم حـ
و د . أحمد الفـ رفاوى .

معاملات الانتخاب في حالة أفضلية الخليط:

في العشائر الأفريقية المربوطة بالملاريا وجد أن جين أنيميا الخلايا المنجلية Hb_B له تكرار عالي مُحْتَفَظ به ما بين ١٠.٠ الى ٢٠.٠ ما يشير لوجود معامل انتخاب مرتفع نسبيا (حوالي ١٠.٠) ضد الأفراد العاديين + / + بينما كانت تكرارات الأليلات الخاصة بمرض التليف الحوصلي ومرض تاي - ساكس أقل بكثير . فالمرض الأول كان حوالي ٢.٠ في العشائر القوقازية والثاني كان حوالي ١٢٦.٠ وبين اليهود الاشكنازيين وحوالي ١.٠ في العشيرة غير اليهودية . ومعنى ذلك أن معاملات الانتخاب ضد الأفراد السائدة الأصلية لابد وأن تكون منخفضة . ولتقدير ذلك نفترض أن s هي معامل الانتخاب ضد الأفراد الأصلية تساوى واحداً ، ومن ثم يمكن إعادة كتابة المعادلة السابق ذكرها والخاصة بالتكرار المتوقع (\hat{q})

$$s = \frac{\hat{q}}{1 - \hat{q}}$$

فإذا طبقنا هذه المعادلة على مرض تاي - ساكس ، نجد أن :

$$s = \frac{0.0126}{1 - 0.0126}$$

ما سبق نجد أن أفضلية خليط قدرها $\frac{1}{81}$ % فقط تكفي كأفضلية إنتخابية في الجزء الخليط من العشيرة للاحتفاظ بهذا الجين عند تكراره المنخفض في العشيرة اليهودية .

Species Formation

نشوء الأنواع :

عند ما توجد عشيرتان تختلفان وراثيا بدرجة كافية تسمح بحدوث "هزلة تكاثريّة

reproductive isolation" ، ففي هذه الحالة يطلق على كل عشيرة

أنها تتبع نواها مختلفا . وفي هذه الحالة نجد أن أفراد العشيرتين تفشل في التزاوج التلقائي أو تفشل في تكوين نسل حصب لو حدث التزاوج . وموضع التسرع له مراجعته العلمية الخاصة . لكننا سوف نتاوله هنا من زاوية البيكانيكيات التي يترجم بواسطتها تعدد المظاهر في العشيرة الى نشوء الأنواع .

أولاً : التنوع في العشائر الصغيرة Speciation in small populations

إن نشأة نوع جديد يمكن يحدث عن طريق غزو عدد صغير من الأفراد لمنطقة جغرافية معزولة . فالتداخل ما بين التأثير المؤسس founder effect والانطلاق الوراثي العشوائي random genetic drift يمكنه أن يغير التكرارات الأليلية "لعشيرة منشقة" Splinter population . وترتب على ذلك أن تختلف هذه العشيرة عن العشيرة الأصلية . وبالإضافة فإن الضغوط الانتخابية في البيئة الجديدة قد تختلف جوهرياً عن تلك التي في البيئة القديمة . فإذا كانت الجينات المؤثرة في نواحي التكاثر بين تلك التي تتأثر بالانتخاب أو بالانطلاق الوراثي العشوائي ، فبال تأكيد سوف تتطور أنواع جديدة بسرعة .

ثانياً : التنوع من خلال العزلة البيئية :

Speciation by ecological isolation of populations

فيما سبق أوضحنا أن الانتخاب التنوع diversifying selection يعمل كمُخلِّق لاثنتين أو أكثر من المظاهر الموجودة معاً داخل عشيرة ما ، كل واحد توائم مع ظروف مختلفة في البيئة المحلية . وإذا فشلت الظروف البيئية في عزل المظهرين من بعضهما ، فقد يترتب على ذلك استمرار تعدد مظاهر متوازن على مستوى العشيرة ككل . أما إذا بدأت الأفراد داخل كل مجموعة في التزاوج الاختياري assortative mating or inbreeding مع بعضها البعض ، فإنه سوف يتكون داخل العشيرة مستودعين جايتميين مختلفين ، مما يعطى الفرصة لحدوث تنوع ، وانشقاق العشيرة إلى نوعين مختلفين ، بفشلان في التزاوج مع بعضهما لو أندمجا من جديد .

التطور الجزيئي : Molecular Evolution

التطور الجزيئي هو أحد فروع علم الوراثة الحديث الذي يبحث في تفهيم العلاقات التطورية بين المجموعات التقسيمية للكائنات الحية المختلفة من خلال نتائج اتجاهات :

١ - مقارنة التراكيب المظهرية للكروموسومات المجموعات التقسيمية .

- ٢ - مقارنة جيناتها المختلفة .
- ٣ - مقارنة نواتج هذه الجينات .
- ٤ - مقارنة مكوناتها من الأحماض النووية وتتابعاتها .

يهدف هذا الفرع الحديث من وراثة العشرات على المستوى الجزيئي إلى
استيضاح سبل تطور الأظم الجينية الحديثة من الهياكل الجينية لبدائيات النوى
(prokaryotes) .

أولاً : تكرارات الـ DNA في التطور :

يتفق علماء الوراثة الجزيئية على حقيقة هامة ، وهي أن تكرارات الـ DNA المحمل
بالمعلومات الوراثية ، سواء أكانت جينات ، أو مقاطع كروموسومية أو كروموسومات كاملة
تلمع دوراً هاماً في عملية التطور . ويُفترض أن الـ DNA المتكرر يتمتع بنوع من المناعة
الانتخابية لدرجة أن بعض الجينات التركيبية St. genes الهامة لا يمكنها
القيام بوظيفتها طالما أنها تتواجد فقط في جرعات أحادية أو ثنائية . وحيث
أن مناطق الـ DNA المكررة قد تكتسب طفرات موضعية دون أن تؤثر في حيوية
عوائلها ، فإن جينات جديدة (قد تكون ذات إمكانات هامة) قد تتطور منها
وهناك العديد من الأمثلة على تطور الجينات بواسطة التكرارات مثل:

- أ - جينات الـ rRNA genes الريبوسومي
 - ب - جينات توافق الأنسجة Histo-compatibility genes
 - ج - عائلات جينات الجلوبيولين النحسية Families of immunoglobulin genes
 - د - تغيرات التعدد الكروموسومي Chromosomal polyploidy
- والتي ساهمت بدرجة كبيرة جداً في تطور النباتات الراقية .

ثانياً : التبدلات الكروموسومية في التطور :

- تشمل التبدلات الكروموسومية الانتقاصات deletions والتكرارات
inversions و duplications والانعكاسات . وتعطى هذه

التغيرات تأثيرات مختلفة عن تكرارات الـ DNA نوجزها فيما يلي :

- أ - قد تُجَمِّع مقاطع من الـ DNA - تطورت منفصلة - مع بعضها .
- ب - قد تُفَصِّل مقاطع من الهيئة الجينية للفرد كانت قبل ذلك متجاوزة .
- ج - قد تُسْتَبْعِد مقاطع من الهيئة الجينية نهائياً .
- د - قد تعكس ترتيب تنابعات جينية معينة .

وهنا نتذكر أن تعبيرات الجينات قد تتأثر نتيجة تغير مواقعها أو تغير مواقع جينات أخرى كانت قريبة أو بعيدة عنها . فعلى سبيل المثال قد تلعب الانعكاسات دوراً هاماً في استبقاء جينات مهمة لمواءمة معينة مع بعضها كما هو الحال في أنظمة الجينات الميتة المتوازنة *balanced lethal systems* . كما قد تصبح بعض الانعكاسات الكروموسومية الترتيب الصحيح للجينات إذا أصبح الكروموسوم المعكوس ثابتاً في نوع متطور حديثاً . وفيما يلي مثال لتوضيح دور التبدلات الكروموسومية في التطور في رتبة الرئيسات (الثدييات العليا) .

بمقارنة الطرز الكروموسومية للإنسان مع طرز كروموسومات الشمبانزي والغوريلا وإنسان الغاب ، وجد أن كل شريط في كروموسومات الإنسان له قرين في كروموسومات القرد اللانزهي الكبير ، وعلى الأقل توجد ٨ انعكاسات رئيسية تميز الطرز الكروموسومية للإنسان والشمبانزي ، وعلاوة على ذلك ، هناك اعتقاد بأن الكروموسوم رقم ٢ في الإنسان قد نشأ نتيجة إلتحام بين كروموسومين صغيرين منحرفي السنتروميتر *acrocentric* وجد في الإنسان البري ، مما ترتب عليه نقص في العدد الكروموسومي الأحادي من ٢٤ في الإنسان البري إلى ٢٣ في الإنسان المعاصي (الحديث) ، إلا أن دور هذه التغيرات الكروموسومية في تطور الإنسان مازال ينقصه الدليل القنـصـع .

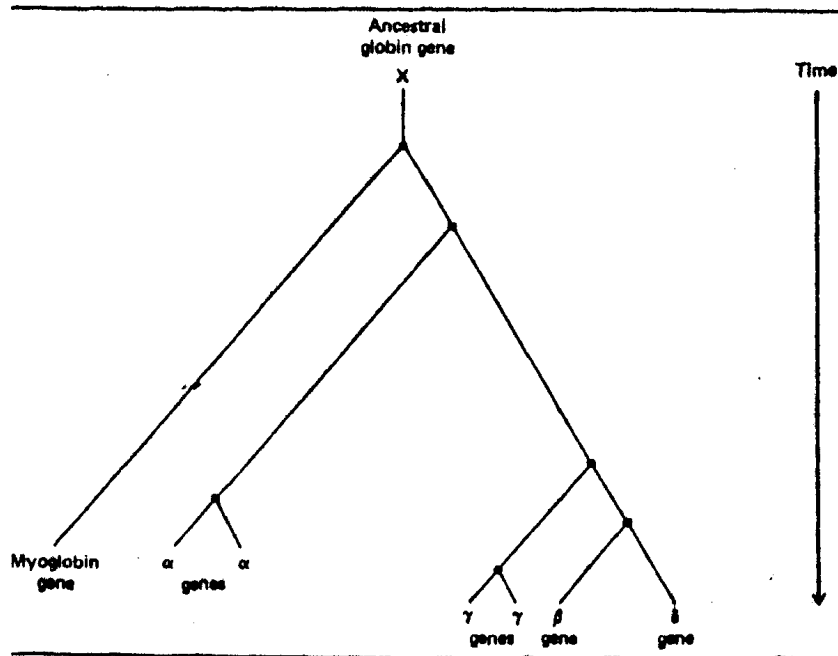
ثالثاً : تطور البروتين والحركة الجزيئية : *Protein evolution and the molecular clock*

عند مقارنة تنابعات الأحماض الأمينية للبروتينات التي تشترك فيها مجموعات

تقسيمية متنوعة • يمكن أن تتوافر البيانات التفصيلية عن التطور الجزئى • ولقد نجحت حتى الآن هذه الدراسات فى :

- أ - السيتوكروم c الموجود فى جميع الكائنات ميزات النسوى •
- ب - الهيموجلوبين الموجود فى جميع الفقاريات • وهو ينتمى لمتعددات ببتيدات الجلوبين الأكثر بدائية •

فبروتين مثل الهيموجلوبين الآدمى يكون متعدد المظاهر polymorphic بطريقة نموذجية داخل النوع البشرى • وتعتبر الصورة البارزة للهيموجلوبين فى نوع ما فريدة unique ومقارنة تتابع أحماضه الأمينية مع تتابع الأحماض الأمينية فى نوع آخر • ثم حساب الحد الأدنى للاستبدالات النوتيدية اللازمة للتبدل من تتابع حمض أمينى إلى تتابع حمض أمينى آخر • يمكن تحديد درجة التطور • وبين الشكل (٤ - ٢) العلاقات التطورية المقترحة بين مختلف جينات الجلوبين •



شكل (٤ - ٢) : العلاقات التطورية المقترحة بين مختلف جينات الجلوبين
الجينات المتكررة ممثلة بدوائر مظللة •

-122-

- ١٣٣ -

الجزء الثاني الوراثة الكمّية

-136-

الباب الخامس
الوراثة الكمية
Quantitative Genetics

مقدمة :

يختص هذا الفرع من علوم الوراثة بدراسة توارث الصفات التي تظهر طـرـازا مستمرا من التباين continuous variation وهو مبنى على تـوارث الجينات المتعددة • Polygenes ووراثة العشائـة Population Genetics • لاننا هنا نهتم بتأثير الجينات على الصفات القياسية metric traits على مستوى العشيرة •

إن الخواص الأساسية للتباين المستمر أساسية لنظرية التطور ولجراء التحسين الوراثي في الكائنات النباتية والحيوانية •

لقد بدأت الخطوات الأولى في دراسة توارث الصفات الكمية منذ حوالي ٨٠ عاما وضمت • عندما وضعت نظرية العوامل متجمعة الأثر cumulative effect

(أو نظرية توارث الجينات المتعددة) • والضمن الكامل لهذه النظرية تحقق تدريجيا • وبالمثل • فالنماذج الخاصة بالتجارب والتحليل الإحصائية الضرورية لدراسة التباين المستمر قد تحققت أيضا تدريجيا • وبالرغم من ذلك • فقد تحقق تقدم ملحوظ وليس فقط يمكن تفسير التباين المستمر وراثيا • بل أيضا يمكن تصميم تجارب تمكننا من فهم وقياس المقادير الوراثية parameters الخاصة والتي يمكن أن يحلّل بواسطتها التباين المستمر • بل يمكن أيضا التنبؤ بسلوكه من خلال بعض هذه المقاييس •

وفي خلال الـ ٤٠ عاما التي مضت • حدث تقدم كبير في الدراسات الوراثية للتباين المستمر • فقد وضعت النظريات وامتدت لتشمل • على وجه الخصوص • التداخل بين الجينات اللا أليلية Non-allelic Interactions • وأيضا التداخل بين التركيب الوراثي والبيئة Genotype-environment interactions • ولقد أدخلت الطرق الحديثة في التحليل الوراثية • والتي من بينها • بل من

الصفات Characters

المظهر والطراز الجيني (الفينوتايب والجينوتايب) : Phenotype & Genotype

في علم الوراثة يُطلق البَحَاثَةُ المصطلح "صفة" character على أى خاصية لكائن ما يكون لها تشابهات واختلافات ذات طبيعة وراثية يمكن التعرف عليها بين أفراد العشيرة . وهناك العديد من الصفات من المعروف أنها تُظهر درجات من التباين الوراثي . وكما زادت معرفتنا بخصائص الكائنات الحية ، كلما زادت قائمة الصفات ذات الطبيعة الوراثية . فعلى سبيل المثال القائمة التالية من الصفات جميعها يعرف بأنه يُظهر درجات من التباين الوراثي :

- (١) سلوك الجينات والكروموسومات .
- (٢) شكل وتركيب الخلوية .
- (٣) شكل وتركيب الكائن .
- (٤) الخصائص الفسيولوجية والكيموحيوية .
- (٥) الصفات النفسية والسلوكية .
- (٦) المقدرة التزاوجية . mating ability
- (٧) الخصوبة . Fertility
- (٨) المقاومة للأمراض والسموم .
- (٩) القدرة على إصابة المائسل .
- (١٠) الاستعداد للإصابة بالمرض .
- (١١) إنتاج المولادات (الأنهجنات)
- (١٢) الذكاء .

وفير ذلك من الصفات المُمَيِّزة لمختلف أنواع الكائنات الحية . وحقيقة الأمر يصعب القول أنه توجد صفة ما في كائن ما لا تُظهر تباينا وراثيا ، طالما وُضِعَت هذه الصفة تحت الاختبار الدقيق والمناسب . وبالإضافة لذلك ، فإن درجات التباين

الوراثى التى يمكن إدراكها فى صفة ما ، قد تتفاوت بحيث تكون من الصِّفر السدى لا يمكن إدراكه بالعين المجردة إلى الكبر الذى يمكن ملاحظته على الفور .

العلاقة بين الجين والصفة :

يمكن إدراك وجود الجينات المتحركة فى الصفات المختلفة من خلال تأثيراتها فى تغيير التعبير المظهرى للصفة المشاهدة فى كائن ما . وتتطلب جميع الدراسات الوراثية معرفة بعض الاعتبارات عن العلاقة بين الجين والصفة . ولقد قاد موضوع التباين المستمر continuous variation للصفات الكمية إلى تناول هذه العلاقة مما أدى إلى ظهور ثلاثة أسس عامة فى هذا المجال :

الأساس الأول : ظهر من دراسات عالم الوراثة السويدى "جوهانسن Johansen" ، وهو أن الشكل المظهرى (الفينوتايب) للصفة هو المحصلة النهائية للتركيب الوراثى والبيئة . وبناء على ذلك ، فالتباين المشاهد فى صفة ما ، قد يكون نتيجة لتباين إما فى التركيب الوراثى أو فى البيئة . وكما أشار جوهانسن ، فإن نوعى التباين فى الصفة (الوراثةى واللاوراثى) لا يمكن تمييزهما من مجرد النظر . فمثلاً نبات ما أو حيوان ما قد يكون صغير الحجم بسبب قلة التغذية أو بسبب جيناته من أسلافه . ولا يمكن تمييز أى من السببين من بعضهما إلا بواسطة "الاختبارات التربوية" .

الأساس الثانى : هو أن التباين الوراثةى قد يظهر نتيجة للتغير فى أى عدد من الجينات . وهذه الجينات المسببة للتباين فى نفس الصفة ، يمكن أن تتدخل خلص بعضها بعدة طرق مختلفة :

- أ - قد تكون هذه الجينات عناصر فى نظام متعدد الجينات polygenes كما فى الجينات التى تؤثر فى عدد الشعيرات المبطنية فى حشرة الدروسوفلا .
- ب - من ناحية أخرى ، قد تكون تغيرات "الجينات أساسية Major genes" كما هو الحال فى كثير من الجينات التى تؤثر فى لون الأزهار فى النباتات أو فى الكلوروفيل أو فى الجينات المؤثرة على الشوكات الدقيقة فى حشرة الدروسوفلا (حوالى ٧٠ جينا) ، وغير ذلك من الجينات . وعلاوة على ذلك فكمما أن فردين

أو سلالتين قد يختلفان فيما بينهما لائى عدد من الجينات ، فإن أى فرد ينسب
أو سلالتين قد تكونا متشابهتين فى المظهر نتيجة لجينات مختلفة ، فعلى سبيل المثال
يحتوى كل من القطن الأمريكى *G. hirsutum* والقطن المصرى *G. barbadensis*
على بقع ملونة كبيرة على بتلات الأزهار ، متشابهة تماما ، لكن الاختبارات التربوية
قد بينت أن التنظيم الهندسى الوراثى لهذه الصفة يختلف فى الحالتين (هالدين ،
١٩٣٦) . وقد توجد اختلافات ماثلة داخل النوع الواحد ، فلقد ذكر العالم
كلارك (١٩٦٠) أن الذيل القصير على الأذن الخلفية لذبابة الزبد *P. dardanus*
يخضع لسيطرة جين واحد فى بعض السلالات ولكوكبي من الجينات المتعددة
polygenes فى سلالات أخرى .

إن الأساس الوراثى لمجال من الأفعال المظهرية لصفة ما ، يمكن اكتشافه فقط
بالاختبارات التربوية . ففى بعض الأحيان يكفى اختبار واحد فقط لكشف هذا الأساس
الوراثى ، لأنه عندما يوجد اختلاف نتيجة لجين رئيسى واحد ، فإن التركيب الوراثى
يمكن إدراكه من الشكل المظهرى . لكن هذا الوضع لا يمكن إطلاقا الوصول إليه
عندما يكون التباين معتمدا على نظام عديد الجينات ، وذلك نتيجة للتبادل والتداخل
فى التأثير لكل من العناصر الجينية فى النظام الوراثى مع بعضها البعض أو مع عوامل
أخرى لا وراثية .

الأساس الثالث : وهو يتصل بالجين والصفة ، فكما أن صفة واحدة يمكن أن تتأثر
بأكثر من جين واحد ، فإن جينا واحدا يمكنه أن يؤثر فى أكثر من صفة - وهذا
يعرف بالآثر المتعدد للجين manifold or pleiotropic effect
لذلك يبدو واضحا أنه بينما أن شكلا مظهريا ما يمكن أن ينسب إلى تركيب وراثى
متين بصورة شاملة ، فإنه لا يمكن أن تنسب أجزاء من الشكل المظهرى لأجزاء من
التركيب الوراثى ، فالجينات فى نواة ما يجب أن ينسب بعضها لبعض فى التأثير ، و
كذلك الصفات يجب أن ينسب بعضها لبعض فى التكوين .
Development .

يمكن تقسيم الصفات الوراثية في جميع أنواع الكائنات الحية الى قسمين رئيسين هما :

(١) الصفات الوصفية : Qualitative characters

وهي التي يكون فيها التباين أو التصنيف variation من النوع المتقطع discontinuous ، حيث يكون من السهل تقسيم هذا التباين الى فئات مظهرية محددة (شكل ١-٥) أي لا يوجد تداخل بين فئاتها المظهرية . وقد ظهر أن هذه الصفات يتحكم فيها إما جين واحد فقط أو عدد من الجينات . كما أن ظروف البيئة قد تكون ضئيلة الأثر ، أو قد لا تؤثر إطلاقاً على الجين أو الجينات التي تتحكم في هذه الصفات . وكثال لهذا النوع من التباين نذكر الصفات السندلية التقليدية التي نعرفها كصفات اللون والشكل في بذور البسلة ، وشكل الثمرة في نبات كير الرامي ، ولون الفئران في الفواض ولون الميم ومجموعات الدم في الانسان . وقد أمكن تفسير السلوك الوراثي لهذه الصفات باستخدام الطرق الوراثية السندلية ، حتى في الحالات التي كان تداخل الجينات أو ارتباط الجينات سبباً في تعقيد هــا .

(٢) الصفات الكمية Quantitative characters

قد يطلق عليها أيضاً اسم الصفات القياسية Metric characters

وهي التي ليس من السهل تحديد الفروق بوضوح بين الأفراد المكونة لمجموعة تجرى فيها دراسة لهذه الصفات ، حيث تتداخل مظاهر الأفراد كثيراً مع بعضها ويكون التباين في العشيرة من النوع المستمر إذ ليس من الممكن - في كثير من الحالات - أن لم يكن جميعها - تقسم العشيرة (أو النسل) الى فئات مظهرية محددة (شكل ١-٥) . بل يكون التباين متدرجاً بين الحدين الأدنى والأقصى لكل صفة ، مما يجعل الفئات المظهرية للعشيرة (أو النسل) متداخلة مع بعضها ، صعب من الصعب حصر عدد الأفراد داخل كل فئة ، مما يجعل استعمال الطرق السندلية صعباً في تحليلها . والفروق الأساسية بين توارث الصفات الوصفية والصفات الكمية ينحصر في عدد الجينات

التي تؤثر في مظهر الصفة ، ودرجة تحوُّر هذا المظهر بالعوامل البيئية . فالصفة الكمية يُسيطر عليها عدد كبير من الجينات ذات الأثر التراكمي Additive ، وكل جين بمفرده قد يؤثر بدرجة صغيرة في مظهر الصفة . وهذا التأثر من الصِّالة (في كثير من الأحيان) بحيث لا يمكن إدراك أثره بمفرده بالطرق التقليدية التقليدية . وتسمى هذه الجينات بالبوليجينات Polygenes أو الجينات المتعددة Multiple genes . والتباين المظهري Phenotypic variability المشاهد

عند دراسة توارث الصفات القياسية يُخزى أساساً للمكونات الآتية :

- ١ - مكون وراثي Genetic component
 - ٢ - مكون بيئي Environmental
 - ٣ - مكون نتيجة التداخل بين البيئة والوراثة Genotype-Environment inter
- وقد تتداخل هذه المكونات مع بعضها ما يجعل التباين المظهري أكثر تعقيداً . وتختلف نسبة كل مكون للآخر باختلاف الصفات وتعتبر الصفات الاقتصادية ومحظها يمكن قياسها كماً مثل وزن الجسم ، طول الجسم ، كمية إنتاج اللبن أو البيض ، وزن البيض ، نسبة الدهن في اللبن - كأمثلة حيوانية ، وحصول النبات وكمية المحتوى البروتيني ، وزن الحبة أو البذرة . . . إلخ - من الصفات ذات الطبيعة الكمية . ولما كان السلوك الوراثي لهذه الصفات معقداً وصعب الوصول إليه بالأساليب التقليدية التقليدية ، فقد لجأ علماء الوراثة إلى الطرق غير المباشرة . أي الطرق الرياضية والاحصائية البيولوجية لتحليل توارث هذه الصفات ، ووصف نوع وكمية التباين فيها بمعالم احصائية للمشيرة .

مثال : صفة مثل طول القامة في الإنسان تُظهر تدرجاً مستمراً في التعبير بين حدين واسمين ، والتعبير المركزي للصفة يكون أكثر تكراراً في أي عائلة أو عشيرة ، وتتأخر التكرار كلما اتجهنا ناحية الطرفين الحدين . وتوحد التكرارات للصفات مختلفة التعبير بالتعبير - في كثير من الأحيان - من النحن الطبيعي صلخص الجدول (٥ - ١) أهم الفروق بين الصفات الكمية والصفات

جدول ٥-١ : ملخص للفرق بين الصفات الكمية والصفات الوصفية :

الصفات الوصفية	الصفات الكمية
١ - صفات قياسية كالطول metric كاللون والشكل الوزن ، العمر ، السن ، السلوك وفصائل الدم ، السن	١ - صفات قياسية كالطول metric كاللون والشكل الوزن ، العمر ، السن ، السلوك وفصائل الدم ، السن
٢ - التباين للفرق بينها متصل continuous discontinuos	٢ - التباين للفرق بينها متصل continuous discontinuos
وقياسات الشكل المظهرى تتداخل وتكون منحنى متصلا يصعب وضع حد فاصل بين فئاتها .	وقياسات الشكل المظهرى تتداخل وتكون منحنى متصلا يصعب وضع حد فاصل بين فئاتها .
٣ - يتحكم فيها جينات عديدة (بوليجينات) ذات اثر تجمعى او تراكمى ، وصعب تحديد اثر كل منها بفسرد .	٣ - يتحكم فيها جينات عديدة (بوليجينات) ذات اثر تجمعى او تراكمى ، وصعب تحديد اثر كل منها بفسرد .
٤ - عوامل البيئة تلعب دورا هاما فى تحديد مظهر الصفة لتداخلها مع اثر الجينات التى تحكمها .	٤ - عوامل البيئة تلعب دورا هاما فى تحديد مظهر الصفة لتداخلها مع اثر الجينات التى تحكمها .
٥ - تختص بمشائير تقع فيها جميع طرق التزاوج الممكنة .	٥ - تختص بمشائير تقع فيها جميع طرق التزاوج الممكنة .
٦ - التحليل الوراثى غير مباشر باستعمال الطرق البيومترية لتحديد معالم العشيرة كالمتوسط ، الانحراف القياسى التباين التباين المشترك والانحدار .	٦ - التحليل الوراثى غير مباشر باستعمال الطرق البيومترية لتحديد معالم العشيرة كالمتوسط ، الانحراف القياسى التباين التباين المشترك والانحدار .

دور التباين الكمي في التطور: The role continuous variation in evolution

إن دور التباين المستمر لا يمكن إغفاله كلية في عملية التطور . ولقد أوضح داروين أهمية الخطوات التراكمية الصغيرة في التغير التطوري . وبإمعان النظر في أي نوع من الكائنات الحية وبخاصة الإنسان ، يتضح لنا أن جزءاً من التباين بين الأفراد يكون كميًا . لذلك فإن الأساس الوراثي للتباين المستمر قد يبقّى لفترة طويلة تحدياً كبيراً لعلماء الوراثة وإن كان عالمي البيومتری "جالتون" Pearson "وغيرهم Galton قد بيّنوا بوضوح أن هذا التباين له - على الأقل - أساس وراثي . واستمرت كل من الطرق الجالتونية والطرق المندلية عاجزة عن تقديم الإجابة الشافية لهذا الأمر لفترة طويلة . إن تفهّم أساس التباين المستمر قد تأجل لحين تدخّل الطرق الوراثية والبيومترية . حيث أن كلا من السبيلين قد وفّر ما ينقصه الآخر . فأحدهما قدّم لنا الأسس التي يجب أن يعتمد عليها التحليل ، والآخر بيّن لنا الطريقة التي نتناول بها التباين المستمر ، والطريقة التي تعرضه في صورة تجعل التحليل ممكناً .

إن التدخّل بين علم الأخصاء الحيوي (البيومتری) والتباين الوراثي المستمر تأخر نتيجة للمجادلات التي ظهرت بين علماء البيومتری وعلماء الوراثة المندلية بمجرد إعادة اكتشاف قوانين مندل . ولقد زادت حدة هذه المجادلات العلمية نتيجة لتضارب الآراء عن أهمية كل من التباين المستمر والتباين المتقطع في التغيرات التطورية . وبدون أن عدم التفاهم قد برز نظراً لأن كلا الطرفين لم يكن قد تفهّم المعنى الكامل للأساس المندلي لدور تأثير التركيب الوراثي على الشكل المظهري . وبدون أن علماء البيومتری قد اعتبروا أن التباين المظهري المستمر معنى ثابته وراثياً مستمراً ، بينما وبدون أن علماء الوراثة المندلية قد اعتبروا أن التباين الوراثي المتقطع لا يتفق مع أي شيء آخر إلا التباين المظهري المتقطع . وفي الحقيقة فإن هيجدي فريز قد اعتبر أن استمرارية التباين في المظهر كدليل على كونه غير وراثي .

نشأة التباين المستمر :

نظرية الجينات المتعددة (البولي جينات) : Polygenic hypothesis

كيف يتأتى للتباين المتقطع المحدد والذي ينشأ عن الانعزال الوراثى أن يُترجم إلى تباين مستمر للصفات الكمية ؟ فى حقيقة الامر يوجد سببان لذلك :

(١) الانعزال المتزامن Simultaneous segregation لكثير من

الجينات التى تؤثر فى نفس الصفة (انظر التباين الوراثى فى جزء لاحق) .

(٢) التدخل الشديد لتباين مستمر حقيقى ناشئ عن عوامل لا وراثية .

وهناك خطوتان هامتان كان لابد أن تؤخذا فى الاعتبار قبل أن تدعج الطرُق

البيومترية والوراثية معا . ففي عام ١٩٠٩ نشر العالم السويدي "جوهانسون Johansen

أبحاثه على نباتات الفاصوليا . وفى هذه الأبحاث وصف جوهانسون التجارب التى

قادته لوضع نظريته عن السلالة النقيية وعلى وجه الخصوص فقد بين النقاط

التالية :

١ - أنه توجد عوامل وراثية وغير وراثية مسئولة معا عن التباين المشاهد فى وزن

البذرة التى كان يدرسها .

٢ - أن تأثير كل من العوامل الوراثية واللاوراثية من نفس المستوى .

٣ - لا توجد وسيلة ، خلاف الاختبارات التجريبية للتمييز بين ما يساهم

به كل منهما فى كمية التباين .

وبناء على ذلك أصبحت العلاقات بين التركيب الجينى والشكل المظهرى أكثر

وضوحا . فالتأثيرات المحددة للتركيب الوراثى أمكن تحليلها أو مَحْوِها والوصول إلى

تباين مستمر فى المظهر بتأثيرات بيئية .

فى نفس العام الذى قدم فيه جوهانسون نظريته ، قدم عالم إسكتلندا فى آخره هو

"نيلسون - إيل Nilson-Ehle" الخطوة المكملية ، ألا وهى نظرية

الجينات المتعددة (Multiple or polygenic hypothesis)

وهذه النظرية من الأمثلة التقليدية التى ساعدت كثيرا على توضيح الفجوة فى

طبيعية التوارث بين هذين النوعين من الصفات . فقد بين "نيلسون - إيل

في نباتات القمح والشوفان - أنه يوجد عوامل وراثية متماثلة التأثير بدرجة كبيرة -
 إن لم تكن متطابقة تماما . فعلى سبيل المثال ، وجد ثلاثة أزواج من هذه العوامل
 مسئولة عن اللون الأحمر بالمقابل للون الأبيض لحبة القمح ، وعند ما ينمزل أى زوج
 من هذه العوامل بمفرده فإنه يعطى في الجيل الثانى النسبة ٣ أحمر : ١ أبيض .
 وعند ما ينمزل زوجان معا يعطيان النسبة ١٥ أحمر : ١ أبيض وعند ما تنمزل الأزواج
 الثلاثة فى آن واحد تعطى النسبة ٦٣ أحمر : ١ أبيض . ولقد وجد أيضا أن النباتات
 ذات الحبوب الحمر في الجيل الثانى تتكون من تراكيب وراثية مختلفة وتم الوصول الى
 هذه النتيجة بتتبع عائلات الجيل الثالث . فبعض عائلات الجيل الثانى أعطت
 ٣ أحمر : ١ أبيض والبعض الآخر أعطى النسبة ١٥ أحمر : ١ أبيض ، والبعض أعطى
 النسبة ٦٣ : ١ أبيض ، والبعض الآخر أعطى نسلا كله أحمر . فاذا رمزنا لأزواج
 الجينات الثلاثة المسؤولة عن اللون الأحمر بالمقابل للون الأبيض بالرمز :

$$R_1 - r_1 , R_2 - r_2 , R_3 - r_3 \quad \text{وكان} - \text{كما بين نيلسون} -$$

إيل R سائدًا سيادة وسطية على r ، فان ذلك يودى إلى أن تظهر الحبوب
 بدرجات مختلفة من الأحمر إما بدرجة مكررة أو أصيلة فبينما يزيد R من قسوة
 إظهار الصفة فإن r لا يفهم من التعبير . فتتناسب درجة احمرار الحبوب فى
 الأفراد تناسباً طردياً مع عدد الأليلات R التى يحملها كل نبات .
 وفى حالة أحد التلقيحات بين سلالتين إحداها حمراء خفيفة والأخرى بيضاء
 كانت حبوب نباتات الجيل الأول وسطاً بينهما " أحمر خفيف جداً " . وفى الجيل
 الثانى ظهرت النسبة ٣ أحمر : ١ أبيض ، مما يدل على وجود تفارق فى زوج واحد
 من الجينات كما لوحظ أن الحبوب الحمر في الجيل الثانى كانت من درجتين
 أحداهما حمراء خفيفة تماثل الأب الأحمر والأخرى حمراء خفيفة جداً تماثل الجيل
 الأول ، وقد حُلَّت هذه الحالة كالاتى :

الأب : أبيض rr × حمراء خفيفة RR
 الجيل الأول : حمراء خفيفة جداً Rr
 الجيل الثانى : $1 rr$ أبيض : $2 Rr$ حمراء خفيفة جداً : $1 RR$ حمراء خفيفة
 وعند ما ينمزل سميًا زوجان من الجينات $R_1 - r_1 , R_2 - r_2$ فلننسا

نحصل في الجيل الثاني على النسبة ١٥ أحمر : ١ أبيض . ولو أنعزل ثلاثة أزواج من هذه الجينات :
 $(R_1 - r_1 , R_2 - r_2 - R_3 - r_3)$
 فإننا نحصل في الجيل الثاني على النسبة ٦٣ أحمر : ١ أبيض . ولقد أثبت تحليل النسل في الجيل الثالث (بتمية عائلات الجيل الثالث الناتجة من الاخصاب الذاتي لنباتات الجيل الثاني حُر البذور) أن النباتات حمر الحبوب كانت من تراكيب وراثية مختلفة . ومن ثم لم نلاحظ فروق واضحة في اللون بين النباتات حمر الحبوب و التي تعتمد في لونها على عوامل وراثية مختلفة . وقد حُلَّتْ الحالتان التي كان بكل منهما أكثر من زوج كالاتي :

الحالة الأولى : أبيض الحبوب أحمر د اكن : الآباء

$$R_1 \ r_1 \ R_2 \ r_2 \quad \times \quad r_1 \ r_1 \ R_2 \ r_2$$

الجيل الأول : أحمر وسط

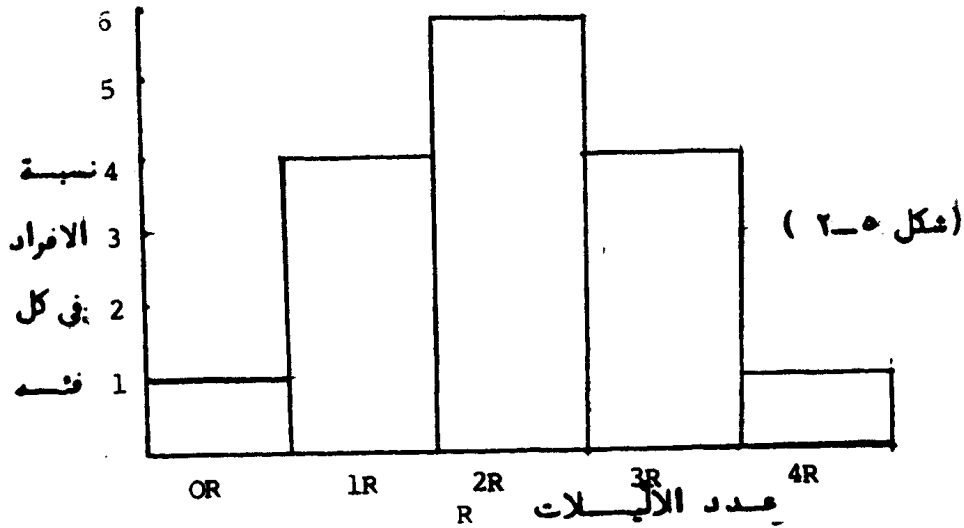
$$R_1 \ r_1 \ R_2 \ r_2$$

١٥ أحمر : ١ أبيض : الجيل الثاني

وظهرت الفئة الحمراء في أربع فئات متدرجة في الاحمرار ، بالإضافة للفئة البيضاء وكانت النسبة كالاتي :

١ أحمر د اكن : ٤ أحمر متوسط : ٦ أحمر خفيف : ٤ أحمر خفيف جدا : ١ أبيض
 $0 \ R \quad 1 \ R \quad 2 \ R \quad 3 \ R \quad 4 \ R$

ولقد فُتِرَت هذه الحالة على أساس وجود جينين يتحكمان في لون الحبة ، كل جين منهما له أليلان ، وأن هذه الأليلات ذات تأثير تراكمي حيث يزداد عمق اللون الأخضر بازدياد عدد الأليلات من ذلك نرى أن النسبة في الجيل الثاني أخذت شكلا آخر فأصبحت ١ : ٤ : ٦ : ٤ : ١ بدلا من النسبة التقليدية ١ : ٣ : ٣ : ١ لزوجين من الجينات . كما يلاحظ أن شدة الاحمرار في لونها الحبوب تتناسب طرديا مع زيادة عدد الأليلات (الشكل ٥ - ٢)



الحالة الثانية : (انعزال ٣ أزواج من الجينات تحكم لون الحبة في القمح)

أبيض × أحمر غامق : الآباء

$R_1R_1R_2R_2R_3R_3$ × $r_1r_1r_2r_2r_3r_3$

أحمر متوسط : الجيل الأول : $R_1r_1 R_2r_2 R_3r_3$

٦٣ أحمر : الجيل الثاني : أبيض

الفئة الحمراء (٦٣) تقع في ٦ فئات متدرجة في الاحمرار ، بالإضافة للفئة البيضاء وكانت النسبة كالتالى :

أبيض : أحمر خفيف جدا : أحمر خفيف : أحمر متوسط : أحمر : أحمر داكن : أحمر غامق

1 : 6 : 15 : 20 : 15 : 6 : 1

(١) الجيل الثاني يحتوى على عدد من الفئات الوراثية .

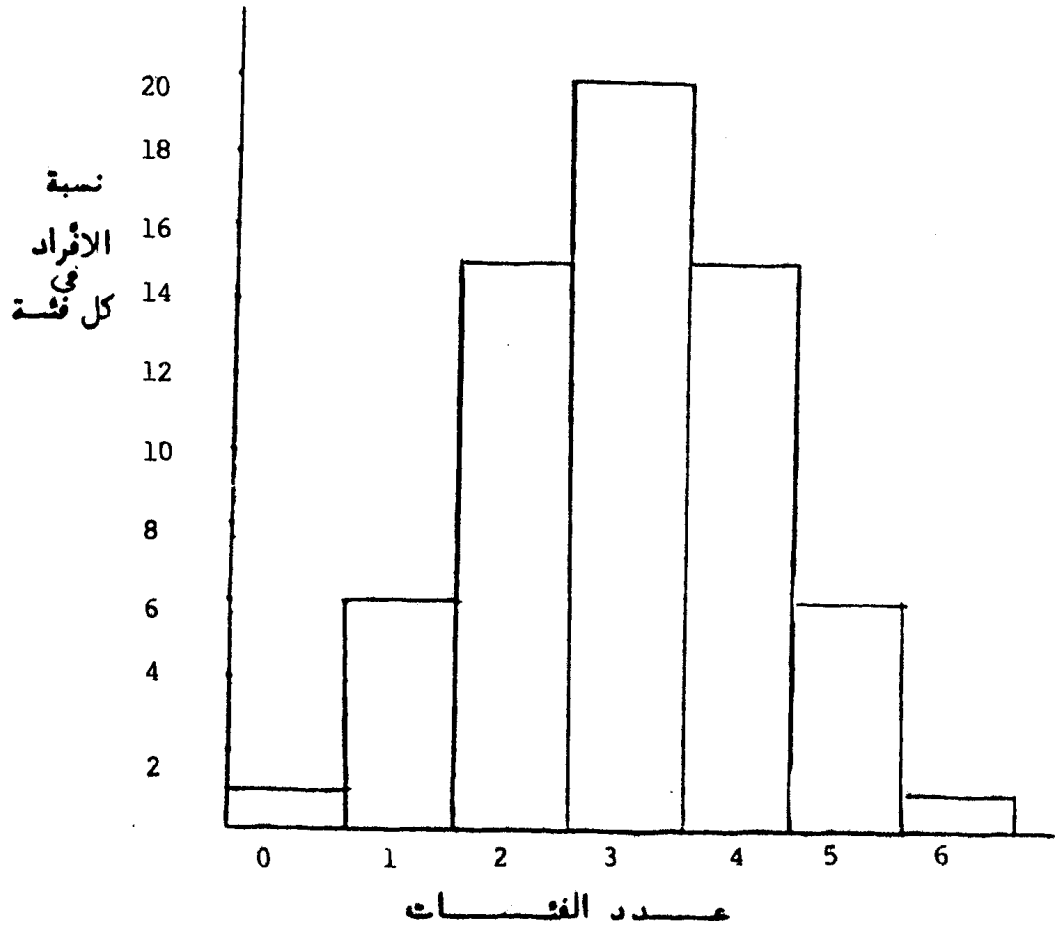
(٢) يلاحظ أن التوزيع التكرارى لفئات الجيل الثاني يتفق مع مفكوك المعادلة ذات

الحددين : $(p + q)^n$

حيث : $p = q = \frac{1}{2}$

و n = عدد أليلات الجينات المتحركة في الصفة .

(٣) التوزيع التكرارى يقترب من شكل المنحنى الطبيعي (شكل ٢-٥) .



شكل ٣-٥ : التوزيع التكراري للفئات عند الانحلال المتزامن لثلاثة جينات ذات أنسر التراكمي .

ملحوظة : يمكن استخراج عدد الفئات المظهرية المتداخلة باستعمال جدول مثلث باسكال Pascal's Triangle ومن الواضح وجود بعض الاختلافات في درجة الاحمرار ولكن ظهر أن ذلك يتلائم مع عدد الجينات أكثر مما هو متلائم بموامل معينة . فمثلا درجة الاحمرار الأولى يمكن الحصول عليها بثلاثة

تركيب وراثية مختلفة وهي : $r_1 r_1 r_2 r_2 R_3 r_3$, $R_1 r_1 r_2 r_2 r_3 r_3$

و $r_1 r_1 R_2 r_2 r_3 r_3$

و درجة الاحمرار الثانية يمكن الحصول عليها بستة تركيب وراثية مختلفة وهي :

$R_1 r_1 r_2 r_2 R_3 r_3$ و $r_1 r_1 r_2 r_2 R_3 r_3$ و $r_1 r_1 R_2 r_2 r_3 r_3$

و هكذا $R_1 r_1 R_2 r_2 r_3 r_3$ و $r_1 r_1 R_2 r_2 r_3 r_3$ و $R_1 R_1 r_2 r_2 r_3 r_3$

في بقية درجات الاحمرار .

ما سبق يظهر أنّ العوامل المختلفة يمكنها أن تُعطى نفس الأثر ، وأنّ هذا الأثر يبدو متجمعا Cumulative . وبفرض عدم وجود أثر للبيئة في تحوير

اللون في الفئات المظهرية المختلفة فإنّ قدرة العين البشرية محدودة في تمييز الفروق الضئيلة في اللون الأحمر بين هذه الفئات المظهرية المتعددة ، ويصبح من المستحيل إدراك هذه الفروق عند انعزال ٤ أو ٥ أو أكثر من أزواج الجينات التي تتحكم في طبيعة توراات هذه الصفوة .

ما سبق يتضح لنا كيف ينشأ التباين الوراثي المستمر من التباين غير المتقطع كما أن الوصول الى درجة الاستمرارية الكاملة يتم عن طريق تد اخل عوامل غير وراثية مما يزيد في درجة تد اخل الفئات الوراثية المختلفة .

إنّ المثال السابق هو أحد الأمثلة التقليدية التي ساعدت كثيرا على توضيح الفجوة في تفهم طبيعة توراات الصفات الكمية والصفات الوصفية . إن نظرية الجينيات المتعددة توضح لنا الآن كيفية نشأة التباين المستمر المميز للصفات الكمية الحقيقية . وتوجد طريقة تقريبية لتقدير عدد المواقع الجينية لصفة شبيهة بالكمية quasi-quantitative trait وذلك عن طريق تقدير نسبة أفراد الجيل الثاني (الناتج من تلقيح أفراد الجيل الأول F_1 الهجينه مع بعضها) لأحد الأبوين الأصليين ، كما يتضح من الجدول التالي (جدول ٥ - ٢) .

جدول (٥-٢) : نسب النسل في الجيل الثاني المشابه لأحد الأبوين في حالة أنعمزال ن من الجينات .

عدد المواقع الجينية	1	2	3	...n
نسب الجيل الثاني F_2 المشابه لأحد الأبوين	$\frac{1}{4}$	$\frac{1}{16}$	$\frac{1}{64}$	$(\frac{1}{4})^n$

ملحوظة هامة :

يفترض أن هذه الجينات مستقلة التوزيع ، ولا يرى ذلك في حالة وجود ارتباط ، وهو المتوقع عادة في حالة البوليجينات .

الباب السادس

مكونات التباين المظهري للصفات الكمية

Components of Phenotypic Variance

إنَّ التباين المشاهد بين أفراد أى عشيرة من عشائر الكائنات الحية عند قياس صفاتها الكمية قد يتسبب بواسطة اختلافات وراثية بين الأفراد وكذلك بواسطة الاختلافات البيئية ، وفى كثير من الأحيان نتيجة للتداخل بين التركيب الوراثى والبيئة . ويحدث التداخل عندما تسلك التراكيب الوراثية سلوكا مختلفا فى البيئات المختلفة ، لذلك فإن التوقعات الكمية الدقيقة لا يمكن حسابها إذا أخذنا فى الاعتبار التأثير الوراثى والتأثير البيئى منفصلين عن بعضهما . وتجزئة التباين المشاهد فى أى صفة كمية (قياسية) إلى مكوناته يتم عادة من خلال الطرق الاحصائية المعروفة باسم (تحليل التباين Analysis of variance (ANCOVA) والمعرضة فى كثير من المراجع الاحصائية . إلا أننا هنا سوف نتناول التباين المظهري Phenotypic variance (الذى يرمز له بالرمز V_p or σ_p^2) للصفات الكمية - من وجهة نظر وراثية ، باعتباره يتكون من ثلاثة مصادر رئيسية للتباين :

- أ - تباين وراثى Genetic variance V_G
- ب - تباين بيئى Environmental variance V_E
- ج - تباين نتيجة التداخل بين التركيب الوراثى والبيئة Genotype - environment interaction V_{GE}

لذلك يمكننا وضع المعادلة التالية لتحديد مكونات التباين المظهري :

$$V_P = V_G + V_E + V_{GE}$$

وجميع الدراسات الوراثية الكمية تأخذ في الاعتبار تقليل أثر التباين البيئي بقدر الامكان ، حتى يمكن فصل وتحديد كمية ومكونات التباين الوراثي وكذلك تباين التداخل .

التباين البيئي : Environmental variance

من المعروف أن أي كائن حي يوائم نفسه ويستجيب بصورة ثابتة لظروف البيئة التي يعيش فيها . وتشمل البيئة في معناها الواسع كل العوامل الخارجية التي تؤثر في تعبير أي تركيب وراثي Genotype . وأي وصف وراثي لعشيرة ما من الحيوانات أو من النباتات أو من الادميين لا بد أن يأخذ في الاعتبار كل ملابسات البيئة التي يعيش فيها والتي يُعبر عنها بالتباين البيئي . وقد يشمل التباين البيئي تلك العوامل المتغيرة بوضوح مثل النمو في أماكن مختلفة أو في سنوات مختلفة ، أو تلك العوامل الأقل وضوحا مثل البيئات الأمية المختلفة ، والترتيب المختلف في تتابعات الولادة أو الاختلافات بين الظروف التي يتعرض لها أحد جانبي جسد الكائن دون الآخر .

ومن الناحية الاحصائية فإن التباين البيئي (V_E) يشمل كـل التباين الذي لا يعزى مباشرة لانعزال الجينات - ولهذا يطلق عليه أحيانا اسم التباين اللاوراثي (non-genetic variance) . ويشمل التباين البيئي مكونين رئيسيين :

(١) جزء لا يمكن السيطرة عليه (intangible) وسمى من الناحية الاحصائية الخطأ (Error) وكذلك التفاعل بين الظروف البيئية والامكانيات الوراثية .

(٢) جزء يمكن السيطرة عليه والتحكم فيه controllable ، وعادة تضم التجارب الوراثية بحيث يمكن تقليل هذا الجزء من التباين البيئى إلى أقصى حد ممكن .

ويمكن تجزئة التباين البيئى الأخير إلى مكونات حسب أهمية كل جزء منه :

فعلى سبيل المثال - التباين فى الوزن عند الولادة للثدييات، وجد أنه يتوقف إلى حد كبير على ظروف البيئة وبخاصة ظروف التغذية والصحة الخاصة بالأم . والنتائج التالية توضح مكونات التباين المظهرى (V_p) لوزن الأطفال عند الولادة فى الانسان .

النسبة المئوية	مصدر التباين
٢٤	بيئة الأم Maternal environment
٢٠	التركيب الوراثى للأم Maternal genotype
١	عمر الأم Age of mother
٧	ترتيب الطفل No. of child
٣٠	خطأ Error
١٨	التركيب الوراثى للطفل Genotype of the baby

يلا حظ أنّ بيئة الأم قد ساهمت في جزء من التباين أكثر من التركيب الوراثي للطفل كما يلا حظ أيضا أنّ التباين البيئي (الخطأ) الذي لا يمكن السيطرة عليه قد ساهم أكثر في التباين الكلي .
قياس التباين البيئي :

يمكن بطريقة سهلة قياس معدّل التباين البيئي في العشائر السقّي لا يوجد بها تباين وراثي كما هو الحال في التوائم الصنوية Identical twins وكما في النسل الناتج خضريا من نبات واحد . وفي مثل هذه الحالات فإنّ التباين الوراثي (V_G) genetic variance يساوي صفرا ، والتباين المظهري (V_P) يساوي التباين البيئي (V_E) .
 $(V_P = V_E)$. كما أنّ هناك عشائر ضعيفة أو قليلة التباين الوراثي يمكن استعمالها بسهولة كوسيلة لتقدير كمية التباين البيئي ، ومن ذلك :

١ - السلالات النقية Pure lines

٢ - الهجن بين السلالات النقية Hybrids between indreds

يجب ملاحظة أنّ استعمال العشائر المتماثلة وراثيا Genetically uniform populations يؤدي إلى تقديرات مختلفة لكمية التباين البيئي ، فمثلا هُجن الذرة أظهرت درجة من التباين البيئي تقل بمقدار ٣٠% من درجة التباين البيئي للسلالات النقية الأبوية لهذه الهجن .
ويحدث ذلك بالرغم من أنّ مكونات التباين الوراثي لكليهما متطابقة .
ويمضي ذلك إلى أنّ السلالات النقية (أو المراءة داخلها) inbred lines أكثر حساسية للتأثر بظروف البيئة بالمقارنة بالهجن الناتجة منها والتي غالبا ما تُظهر ثباتا أكثر ضد هذا التباين (أنظر الأمثلة

فى جزأ لا حق) .

التباين الوراثى : Genotypic Variance

قد ينشأ التباين الوراثى (v_G) كأحد أسباب الاختلافات المظهرية بين أفراد العشيرة (أو العشائر) من مصادر عدة :

١ - الانعزال المتزامن لعدد من الجينات تسيطر على الصفة الكمية .

ب - تدخل أثر هذه الجينات مع بعضها أو مع جينات أخرى non-allelic interactions قد يكون لها تأثير غير مباشر على الصفة الكمية تحت الدراسة .

ج - بعض الجينات المؤثرة على الصفة الكمية قد تؤدي إلى تأثيرات تراكمية (إضافية) additive effects على هذه الصفة ، ومن ثمَّ فإنَّ إحلال (أو استبدال) substitution اليل محل آخر فى موقع زوج من الجينات قد يتمشى مع زيادة أو نقص فى القيمة المظهرية phenotypic value للصفة ، فعلى سبيل المثال لو أنَّ $A_1 A_1 = 4$ و $A_1 A_2 = 5$ و $A_2 A_2 = 6$ وحدة قياسية للصفة ، فى هذه الحالة نجد أنَّ الأعداد تدل على القياسات التى فيها إضافة اليل A_2 بسبب قيمة قدرها وحدة قياس واحدة .

د - قد تكون اسهامات الأليلات الخاصة بعدد من الجينات المؤثرة فى الصفة الكمية أيضا ذات تأثيرات تراكمية (كما لاحظنا ذلك فى حالة تراكم اللون الأحمر لحبوب القمح التى سبقت الإشارة إليها) .

هـ - التداخل الاليلي allelic interactions بين أليلات الجين الواحد قد يعطى ما يسمى بتأثيرات السيادة dominance effects .

وفى هذه الحالة فإن وجود أليل معين واحد قد يسبب ظهور شكل مظهرى معين للصفة - على سبيل المثال : $A_1A_1 = 4$, $A_1A_2 = 6$, $A_2A_2 = 6$ وهنا يجب ألا نخلط بين هذه التداخلات بين الاليلية وكذلك التراكمية additive ، وتلك التى تحدث بين الجينات المختلفة المتحركة فى الصفة الكمية . وتلك الأخيرة يطلق عليها التفوق Epistasis أو كما سبق non-allelic interactions . وفى هذه الحالة نجد أن التعبير المظهرى المتسبب عن زوج واحد من الجينات يعتمد على الأليلات الأخرى الخاصة بجينات آخر ، على سبيل المثال التركيب الجينى Aa قد يعطى تأثيرا تراكميا فى وجود الجين BB ، ولكنه قد يظهر درجة من السيادة فى وجود bb .

و - التداخلات اللاأليلية Non-allelic Interactions :

فى هذا الطراز من التباين الوراثى ، يتوقف استبدال أليل بأخر على الأليلات الموجودة فى مواقع جينية أخرى فى النظام الوراثى . وهذه التداخلات اللاأليلية بالنسبة لموقعين جينيين قد تكون من ثلاثة أنواع :

(١) أصيل × أصيل homozygote x homozygote مثلاً
aa أو AA مع BB أو bb وهذا الطراز من التباين قابل للشبات

(fixable variance) مثل التأثير الرئيسى لا يستبدل الجين ، ويمكن أن يساهم فى الفروق الكمية بين السلالات النقية ، كما أنه ذو أهمية فى الانتخاب .

(٢) النوع الثانى هو مدى تغير درجة السيادة المشاهدة لزوج من الجينات طبقا للتركيب الوراثى $A - a$ أو BB فى الموقع الثانى ، وبالمثل قد تمتد السيادة بين $B - b$ على كون التركيب الوراثى للموقع الاول اما AA أو aa [homozygote x heterozygote] والعكس (٣) إن تعبير الخليط Bb قد يتوقف على وجود خلط مثل (Bb) فى الموقع الثانى ، والعكس صحيح .

والتداخلات اللا أليلية من الطرازين الثانى والثالث غير القابلة للتثبيت (unfixable variance) . إلا أنها تلعب دورا هاما

• Heterosis فى ظهور قوة الهجين

وعندما يشمل النظام الوراثى المتحكم فى الصفة الكمية تداخلات لا أليلية بين جينات لثلاث مواقع وراثية أو أكثر تزداد شدة وتعقيدات هذه التداخلات ، إلا أن أشد أنواع التداخلات تعقيدا هى التى تنشأ من التداخلات بين التراكيب الوراثية الخلطة [heterozygote x heterozygote] .

ويشار إلى هذه الطرز من التداخلات اللا أليلية فى التباين المستمر للصفات الكمية بمصطلح عام كمجموعة واحدة وسمى التفوق (Epistasis) .

Nonallelic Interaction Variance : التباين نتيجة التداخل اللا أليلي

سبق أن اشرنا الى أن المكون الوراثى من التباين المشاهد فى توارث

الصفات الكمية قد يشمل جزءاً يُعزى إلى التداخل بين تأثير اليلات الجينات المختلفة المتحركة في الصفة الكمية تحت الدراسة . وتعتمد الخصائص الأساسية لهذا النوع من التباين على إمكانية تقسيمه إلى مكوناته :

أولاً : يُقسّم طبقاً لعدد الجينات المتداخلة إلى :

- أ - التداخل بين زوجين من الجينات Two-factor interaction .
- ب - التداخل بين ثلاثة أزواج من الجينات Three-factor interaction . أو أكثر .

ولما كان التداخل بين عدد كبير من الجينات قد يساهم بقسط قليل في التباين ، لذلك يمكن تجاهله في كثير من الأحيان . ولا يوضح الأساس العلمي لهذا النوع من التباين ، سوف نتناول النوع (أ) بشيء من التفصيل فيما بعد .

ثانياً : التقسيم الثاني لتباين التداخل ، يعتمد على كون التداخل يشمل

القيم التربوية breeding values أو انحرافات السيادة .
لذلك يوجد ثلاثة أنواع من التداخلات ثنائية الجين (كما سبق الإشارة إليها) .

أ - التداخل بين قيمتين تربويتين breeding values وهو يعطى

تباين تأثير تراكمي x تراكمي additive x additive ورمز له

ب (V_{AA})

ب - التداخل بين القيمة التربوية لموقع وراثي والسيادة في موقع

آخر، وهذا يعطى تباين تأثير تراكمي x انحراف سيادي

للثبات • add. x dom. يرمز له بـ (V_D) وهذا التباين غير قابل

جـ - التداخل بين الانحرافات السيادية لكلا الموقعين dominance

dominance x ويرمز له بالرمز V_{DD} •

ما سبق يمكن وضع التباين نتيجة التداخل بين الجينات في صورة

المعادلة التالية : $V_I = V_{AA} + V_{AD} + V_{DD} + \dots$

لكننا سوف نترك تفاصيل هذا النوع من التداخل للدراسات المتقدمة ،
لكن في التجارب البسيطة التي نعرضها هنا يترك هذا النوع من
التباين مع المكون السيادي ويشار إليهما معا تحت اسم " التباين
الوراثي اللا تراكمي non-additive genetic variance " •

التداخل بين التركيب الوراثي والبيئة :

يجب أن تدخل البيئة في الاعتبار في كل الحالات فيما عدا حالات
خاصة وقليلة جدا ، حيث أن جميع الصفات تظهر تباينا غير وراثي • والاستثناء
الوحيد هو صفة تكوين المولدات Antigen production • وهنا قد يكون
الكم quantity وليس الكيف specificity في الانتجين
هو المعرض لتأثيرات لا وراثية •

يمكن تمييز المكونات الوراثية واللا وراثية للتباين المستمر - المميز للصفات
الكمية من بعضها البعض بواسطة الاختبارات التربوية ومن ثم فتأثير البيئة
هو أحد الموائق الأساسية في التحليل الوراثي الكمي ، وهذا هنا أن نعزله
جانبا أثناء التحليل ، بالرغم من أن مكون التباين اللا وراثي لا يمكن استبعاد •

كلية عند ما يتداخل كل من التركيب الوراثي والبيئة في اظهار تأثير كل منهما
للاخر .

وقد يتداخل التركيب الوراثي والبيئة معا بطرق عدة :

١ - قد تؤثر البيئة في البنيا الوراثي لعشيرة ما بواسطة الضغط الانتخابي
selection pressure ، الذي تمارسه في العشيرة ، وقد يُخلّ
هذا بالانعزالات الوراثية والتوافق الجينية التي نتوقعها من نظرية وراثية
في عشائر تحت التجربة .

٢ - قد تغير البيئة أيضا في البنيا الوراثي للعشيرة باستحداث تغيرات
مستديمة في المادة الوراثية ، وهذه التغيرات قد تكون من نوعين :

أ - التأثير المطفر المعتاد والعام للإشعاع والمطفرات الكيماوية والملوثات
البيئية .

ب - والنوع الثاني تأثير من طراز مختلف تماما ، وقد اكتشفه العالم دورانت
Durrant عام ١٩٥٨ ، صطلق عليه تأثير دورانت
Durrant effect . فقد وجد أن نباتات الشعير لأصناف معينة ،
عند ما تنمى في ثربة تحتوي على توليفات من الأسدة النيتروجينية
والفوسفاتية والبوتاسية - لا تعكس فقط مجرد تأثيرات هذه المعاملات
أثناء نموها، لكنها أيضا تنقل هذه التأثيرات لنسلها في الأجيال المتعاقبة ،
وطبيعة هذا التغير غير معروفة .

٣ - وأخيرا فإن أهم طرق التداخل ، والذي يهتما هنا ، هو أنّ التركيب
الوراثي للعشيرة والبيئة يتداخلا معا في انتاج الاختلافات بين الافراد

والعائلات تحت الدراسة ، وذلك بتبادل الأدوار فيما بينهما أثناء النمو والتكوين والتمايز وذلك لتكوين تأثيرات غير قابلة للانتقال عبر الأجيال .

وربما يمكن كشف هذه التداخلات بواسطة التباين اللاوراثي لصفة ما في فرد أو عائلة ، حيث أنه يتغير بتغير التركيب الوراثي . والتباين اللاوراثي لفرد ما أو عائلة ما قد يعكس الاختلافات في البيئة الدقيقة التي يعيش تحتها أفراد عشيرة ما .

التباين نتيجة التداخل بين التركيب الوراثي والبيئة :

Genotype - environment interaction variance

أولا : في حالة وجود تلازم Correlation :

في معظم الأحيان يفترض عدم وجود تلازم correlation بين القيم الوراثية والبيئة للصفة تحت الدراسة ، وذلك مبني على أن اهمال ذلك قد لا يؤثر بدرجة كبيرة على الاستنتاجات المستخلصة من تجزئة التباين إلى مكوناته ، لكن في بعض الأحيان قد توجد صفات - مثل إنتاج اللبن في الماشية - تظهر علاقة بين الكفاءة الوراثية وكفاءة الغذاء التي تعطى للحيوان . في مثل هذه الحالة تستخدم المعادلة التالية لحساب قيمة التباين الناتج من هذا التلازم :

$$V_P = V_G + V_E + 2 \text{ cov}_{GE}$$

ملحوظة : cov_{GE} = التباين المشترك للبيئة والوراثة .

ثانيا : في حالة وجود تداخل : Interaction

عند ما يوجد تداخل بين التراكيب الوراثية والبيئات التي تعيش تحت

ظروفها فان القيمة المظهرية للصفة تصبح: $P = G + E + I_{GE}$

وفي مثل هذه الحالة نجد أنَّ مصدرًا إضافيًا قد دخل ضمن مكونات

التباين للصفة ، وهذا يمكن التعبير عنه بالمعادلة التالية :

$$V_P = V_G + V_E + V_{GE}$$

ما سبق يمكن تقسيم التباين الوراثي الى مكوناته كما يتضح من المعادلة

التالية :

$$V_G = V_A + V_D + V_I$$

حيث : V_A = تباين نتيجة التأثير التراكمي للجينات

Additive variance of genes

V_D = تباين نتيجة تأثير علاقات السيادة للجينات

Dominance variance

V_I = تباين نتيجة التداخل بين تأثير الجينات

Epistatic (or interaction) variance

ومن ثمَّ يمكن التعبير عن التباين المظهري الكلي للصفة الكمية طبقا للمعادلة

التالية :

$$V_P = V_A + V_D + V_I + V_E + V_{GE}$$

ويمكن تقدير قيم مكونات التباين المظهرى الموضحة فى المعادلة السابقة فى التجارب المصممة لذلك . فاذا افترضنا - على سبيل المثال - أنَّ الأَظْم الجينية كانت متطابقة لجميع الأفراد فى تجربة ما فمعنى ذلك أنَّ التباين المشاهد فى هذه العشيرة كله متسبب عن الاختلافات البيئية، ومن ثمَّ فإنَّ :

$$V_P = V_E$$

مثال : فى الدروسوفلا ميلا نوجاستر ، قام العالم روبرتسون F. Robertson (١٩٥٧) بأجراء عدة تجارب لتجزئة التباين المظهرى الى مكوناته من التباين الوراثى والتباين البيئى للعديد من الصفات الكمية فى هذه الحشرة .

والنتائج المبينة فى الجدول (٦-١) خاصة بالصفة " طول القفص الصدرى " thorax length بوحدات قياس $\frac{1}{100}$ ملليمتر كتعبير عن حجم الجسم . ولقد تم قياس التباين المظهرى فى كل من عشيرة غير متماثلة وراثيا genetically mixed population ومتزاوجة عشوائيا ، وعشيرة متماثلة وراثيا genetically homogenous population مكونة من الجيل الاول (F_1) لثلاثة هُجْن بين ملالات مرعاة تربية داخلية عالية highly inbred lines .

وتمثل العشيرة الأولى التباين الوراثى والبيئى معا ، بينما تمثل الثانية التباين البيئى فقط . ومن ثمَّ فبالطرح يمكن الحصول على التباين الوراثى .

جدول (١-٦) فصل التباين الوراثي عن التباين البيئي من التباين المظهري الكلي .

Population	Var. components	Observed var.
Mixed	$V_G + V_E$	0.366
Uniform	V_E	0.166
Difference	V_G	0.180
	$V_G / V_P =$	0.180/0.366=49%

وتبين بيانات الجدول السابق أن ٤٩ % من التباين الكلي للصفة في العشيرة غير المتماثلة وراثيا يعزى إلى اختلافات وراثية و ٥١ % إلى اختلافات لا وراثية .

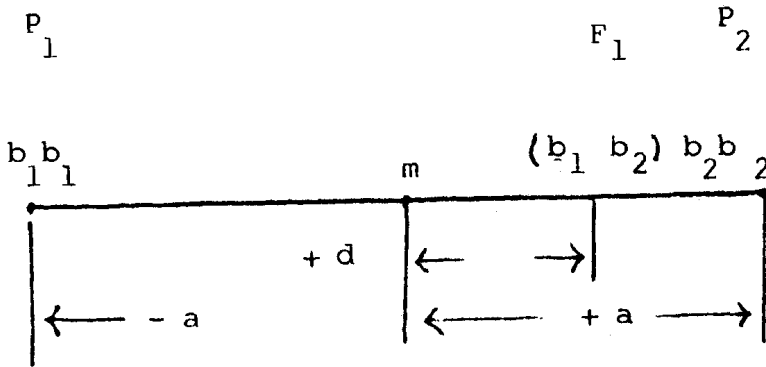
وسوف نتناول في الأجزاء التالية الأسس التي بنى عليها تجزئة التباين المظهري الكلي إلى مكوناته المختلفة والتي سبق الإشارة إليها . ويرجع الفضل في ذلك إلى عالم الوراثة البيومترية Biometrical Genetics

كينيث ماذر Kenneth Mather (١٩٤٩ و ١٩٧١).

عندما تتوفر لدى الباحث سلاسل نقية يفترض أنها أصيلة لجينات كنهه ، فإنه يمكن تقدير مكونات التباين المختلفة للصفة الكمية وذلك بتقدير التباين في الآباء والأجيال التالية وكذلك أجيال التهجينات الرجعية . وتعتمد هذه التقديرات على تحليل مكونات التباين التي يوفرها كل من هذه الأجيال

ولما كان الجيل الاول (F_1) الناتج من تهجين سلا لثنين متماثلا وراثيا *genetically uniform*، فإنّ التباينات المظهرية لكل من الأبوين والجيل الاول يمكن استعمالها كتقديرات للتباين البيئى (والذى يفترض أنه التباين الوحيد فى هذه الأجيال). ولما كان من المتوقع أن تكون قيمة متوسط الجيل الأول (\bar{F}_1) فى المنتصف تماما بين قيم متوسطات الأبوين، لو كانت التأثيرات الوراثية للجينات ذات طبيعىة تراكمية *additive* فإنّ الانحرافات عن متوسط الأبوين *mid-parent value* (\bar{MP}) تشير الى وجود تأثيرات سيادة *dominance effects*.

وبين الرسم التخطيطى (الشكل ١-٦) هذه العلاقات لثلاثة طرز جينية لموقع وراثى واحد .



(شكل ١-٦) : العلاقات الكمية لثلاثة طرز جينية لموقع وراثى واحد .

وفى الوضعيات (*notations*) المقترحة تشمل

القيمة d الانحراف عن قيمة متوسط الأبوين (m) الناتج عن تأثير السيادة، وقد يكون تأثير السيادة إما ناحية الأب ذى القيمة العالية $b_2 b_2$ أو ناحية الأب ذى القيمة المنخفضة ($b_1 b_1$). فإذا بدأنا من نقطة

متوسط الأبوين ولتكن النقطة m (الشكل ٦-١) وهي نقطة البداية الطبيعية لكل القياسات فإن التزايد أو التناقص في اتجاه أيٍّ من الأبوين الأصيلين يمثل قيمة تراكمية (additive increment) ويمرزلها بالقيمة a . وبناءً على ذلك نجد أن الفرق بين قيمة كل من الأبوين يساوي $(2a)$ ، فإذا كانت السيادة كاملة فإن $(d = a)$ ، وتكون القيمة المظهرية للطراز الجيني الخليط (heterozygote $b_1 b_2$) متطابقة مع القيمة المظهرية لـ $b_1 b_1$ أو $b_2 b_2$. ومن ثم يمكن حساب قيمة السيادة من المعادلة :

$\text{Degree of dominance} = \frac{d}{a} = 1$	درجة السيادة
--	--------------

(note : $m = \frac{1}{2} (b_1 b_1 + b_2 b_2)$)

وقد تكون القيمة ١ موجية أو سالبة طبقاً لاتجاه تأثير الأليل السائد .
وهنا يفترض عدم وجود أي تأثير لآية جيننا تآخر على الصفة تحت الدراسة .

أما إذا كانت السيادة غائبة ، فإن العلاقة بين هذين الأليلين b_1 و b_2 تكون تراكمية completely additive كلية ، وفي هذه الحالة نجد أن درجة السيادة تساوي صفرًا ، أي : $(d = 0)$.
وهنا نجد أن متوسط القيمة الكمية للتركيب الوراثي $(b_1 b_2)$ تقع تمامًا عند منتصف المسافة بين الأبوين mid-parents ، ومن ثم فإن قيمة additive effect $2a$ (+2) يمكن اعتبارها التأثير التراكمي

النتائج عن استبدال أحد الأليلين .

أما إذا كان للتركيب الوراثي الخليط ($b_1 b_2$) قيمة منحرفة عن النقطة (m) ، لكنها لا تصل إلى مستوى قيم أي من التركيبين الأصيلين $b_1 b_1$ أو $b_2 b_2$ ، ففي هذه الحالة نجد أن قيمة (d) تأخذ الاتجاه السالب أو الموجب ($\pm d$) ومعنى ذلك وجود درجة من السيادة غير التامة .

ما سبق يتضح إمكانية تقدير مدى التراكمية (a) additivity لتأثير الجينات المتحركة في الصفات الكمية من قياسات الانحراف عن متوسط الجيل الأول ($F_1: b_1 b_2$) لأي من الأبوين ، أو بتتصيف الفرق بين الأبوين . لكن في التهجينات الواقعية ، نجد أن أي صفة كمية تقع تحت السيطرة الوراثية لعدد كبير من المواقع الجينية . فإذا كانت قيمة متوسط الجيل الأول الناتج F_1 تنطبق تماما مع قيمة متوسط الأبوين (النقطة m في الشكل ٦ - ١) فلا يجب أن نعتبر ذلك دليلا قاطعا على التراكمية additivity ، بل ربما يكون ذلك نتيجة تأثيرات من السيادة لمواقع جينية مختلفة يُلغى بعضها البعض ، فعلى سبيل المثال من الممكن أن يكون للتركيب الوراثي ($b_1 b_2$) في الموقع الجيني الأول تأثير سائد في الاتجاه الموجب (+ direction) بينما يكون للتركيب الوراثي ($c_1 c_2$) في الموقع الجيني الثاني تأثير سائد في الاتجاه السالب (-direction) ، ومن ثم فالتأثير السائد لكل منهما قد يُلغى بعضها البعض ما يعطى عند التقدير الكمي صورة غير حقيقية لوجود أثر تراكمي لفعل الجينات تحت الدراسة . ولحل

هذه المشكلة اقترح عالم الوراثة البيومترية كيثير ماذر استعمال المصطلح "المحصلة السيادية للجينات Potence ratio of genes" بدلا من درجة السيادة (Degree of dominance) . ومصطلح المحصلة السيادية يستعمل في حالة دراسة الجينات المتعددة polygenes والتي تتحكم في الصفة الكمية ، أما درجة السيادة فتستعمل فقط في حالة الصفة الكمية المحكومة بجين واحد فقط ، وهذا يندر في معظم الاحيان . لكن في هذه الحالة نجد أنَّ درجة السيادة تنطبق مع المحصلة السيادية . ومن الناحية النظرية - تتراوح قيمة المحصلة السيادية Pot. ratio ما بين صفر إلى ما نهاية . فاذا كان للمحصلة السيادية قيمة دلَّ ذلك على وجود سيادة للجينات في نفس الاتجاه ، ولكن إذا كانت قيمة المحصلة السيادية صفرا ، فإن ذلك لا يعنى بالضرورة غياب السيادة . وبناء على ما سبق يمكن تقدير مكوثات السيادة والتراكمية من تباينات الجيل الثانى وما يتبعه من أجيال طبقا للطرق التى وضعها ماذر Mather (١٩٤٩ وما بعدها) .

فكما ذكر سابقا ، فإنَّ التباين المظهري Phenotypic variance داخل السلالات النقية (مثلا $b_1 b_1$ و $b_2 b_2$) وكذلك داخل الجيل الأول الناتج بينهما ($b_1 b_2$) F_1 يكون بيئيا . ومن ثم فالتباينات المظهرية لسلالات الآباء النقية (v_{P1} و v_{P2}) ، وكذلك تباين الجيل الأول (v_{F1}) تخدم في تقدير كمية التباين البيئى (v_E) ، وحيث أنَّ انعزالات الجيل الثانى F_2 segregations هى :

فإذا فرضنا أنَّ قيمة كل تركيب وراثي تتحرف عن قيمة متوسط الأبوين (m)
 mid - parent value كما هو موضح في النظام المشار إليه في الشكل
 السابق ، عندئذ تكون القيمة المظهرية للجيل الثاني F_2 -value
 كالآتي : F_2 -phenotypic value = $\frac{1}{4}(-a) + \frac{1}{2}(+d) + \frac{1}{4}(+a) = \frac{1}{2}d$

ومن ثمَّ فإنَّ ما يساهم به كل تركيب وراثي في التباين الكلي للصفة
 هو مربع انحرافه عن قيمة متوسط الأبوين (m) مضروباً في تكراره
 $f(x - \bar{x})^2$ عندئذ نجد أنَّ التباين الكلي للجيل الثاني
 total F_2 variance (جميعه وراثي في المثال الحالي) يكون :

$$\begin{aligned} V_{F_2} &= \frac{1}{4}(-a - \frac{1}{2}d)^2 + \frac{1}{2}(d - \frac{1}{2}d)^2 + \frac{1}{4}(a - \frac{1}{2}d)^2 \\ &= \frac{1}{4}(a^2 + ad + \frac{1}{4}d^2) + \frac{1}{2}(\frac{1}{4}d^2) + \frac{1}{4}(a^2 - ad + \frac{1}{4}d^2) \\ &= \frac{1}{2}a^2 + \frac{1}{4}d^2 \end{aligned}$$

فإذا رمزنا لـ a^2 بالرمز A ولـ d^2 بالرمز D

وللمكون البيئي V_E بالرمز E

فانه يمكن وضع معادلة التباين المظهري الكلي للجيل الثاني كالآتي :

$$(V_{F_2}) = \frac{1}{2}A + \frac{1}{4}D + E$$

حيث A و D و E تكون ممثلة للتباينات التراكمية والسيادية
 والبيئية على التوالي .

وبالمثل يمكن بيان أن التباين الكمي في عشيرة النسل الناتج من

التلقيح الرجعي (BC) backcross للآب الأول $V_{B_1} = F_1 \times P_1$
أو من التلقيح الرجعي للآب الثاني $V_{B_2} = F_1 \times P_2$ يساوى لكل منهما على حده :

$$V_{B_1} = \frac{1}{4} A + \frac{1}{4} D + E$$

$$V_{B_2} = \frac{1}{4} A + \frac{1}{4} D + E$$

ولكليهما معا يساوى :

$$V_{B_1} + V_{B_2} = \frac{1}{2} A + \frac{1}{2} D + 2 E$$

ولحساب درجة السيادة degree of dominance (أو المحصلة
السيادة potence ratio) نستعمل المعادلة

$$\frac{d^2}{a^2} = \sqrt{\frac{D}{A}}$$

التالية :

ويمكن تلخيص مكونات التباين خلال الأجيال المتعاقبة لتلقيح كما

في الجدول (٦ - ٢) .

جدول (٦-٢) : مكونات التباين للقياسات الكمية في الأجيال المختلفة :

V_{P1}	=	E	تباين الأب الأول
V_{P2}	=	E	تباين الأب الثاني
V_{F1}	=	E	تباين الجيل الأول
V_{F2}	=	$\frac{1}{2} A + \frac{1}{4} D + E$	تباين الجيل الثاني
V_{B1}	=	$\frac{1}{4} A + \frac{1}{4} D + E$	تباين جيل التلقيح الرجعى للأب الأول
V_{B2}	=	$\frac{1}{4} A + \frac{1}{4} D + E$	تباين جيل التلقيح الرجعى للأب الثاني
$V_{B1} + V_{B2}$	=	$\frac{1}{2} A + \frac{1}{2} D + 2E$	تباين التلقيحين الرجعيين معا
عن سميت (١٩٣٩) .			

والمثال التليدي التالي يوضح كيفية حساب مكونات التباين لصفة طول الزهرة في تهجينات بين نوعي الدخان *Nicotiana glauca* و *N. sandera* ، ولاستبعاد التأثيرات المتضاعفة multiplicative للجينات المنحكمة في هذه الصفة الكمية ، استعمل الباحث لوغاريتم القياسات الفردية المتحصل عليها (الجدول ٦-٣) .

جدول (٦-٣) : نتائج التهجين بين نوعين من الدخان يختلفان فى طول الزهرة :

التباين	المتوسط	عدد الافراد	الاجيال
48	1292	47	$P_1 (N. sandera (S)$
32	37	62	$P_2 (N. langsdorffii (L)$
46	742	38	$F_1 (S \times L)$
85.5	1045	24	$B_1 (F_1 \times S)$
	1085	91	
98.5	317	159	$B_2 (F_1 + L)$
	312	120	
130.5	568	139	$F_2 (F_1 + F_1)$
	729	238	

ولإجراء التحليلات نتبع الخطوات التالية :

١ — التباين البيئي هو المكون الوحيد الموجود في الآباء والجيل الأول ، لذلك فإن هذا التباين يقدر من متوسط تباينات هذه الأجيال

$$\therefore E = (V_{P1} + V_{P2} + V_{F1}) / 3 = (48 + 32 + 46) / 3 = 42$$

٢ — لاستخراج التباين التراكمى additive variance والسيادى dom.variance نطرح قيمة E من تباين الجيل الثانى

$$: \sum (V_{B1} + V_{B2}) \text{ من مجموع } 2E \text{ و } V_{F2}$$

$$V_{F2} - E = \frac{1}{2} A + \frac{1}{4} D + E - E$$

$$= \frac{1}{2} A + \frac{1}{4} D = 130.5 - 42.0 = 88.5$$

$$(V_{B1} + V_{B2}) - 2E = \frac{1}{2} A + \frac{1}{2} D + 2E - 2E$$

$$= \frac{1}{2} A + \frac{1}{2} D = 184 - 84 = 100$$

٣ — يمكن بعد ذلك حل المعادلتين السابقتين مع بعضهما بضرب حدى

المعادلة الأولى فى ٢ وطرح واحدة من الأخرى :

$$A + \frac{1}{2} D = 177.0$$

$$\frac{1}{2} A + \frac{1}{2} D = 100.0$$

$$\frac{1}{2} A = 77.0$$

$$\therefore A = 2 \times \frac{1}{2} A = 154.0$$

وباحلال قيمة المكون التراكمى A فى أى معادلة من السابقتين يعطى

$$D = 46 \text{ قيمة}$$

٤ - لما كانت $D = d^2$ و $A = a^2$ ، كما سبق أن أوضحنا ، إذن درجة السيادة (أو المحصلة السيادة) تحسب كالآتي :

$$\frac{d}{a} = \sqrt{\frac{D}{A}} = \sqrt{\frac{46}{154}} = 0.55$$

ما سبق يلاحظ أنه توجد درجة من السيادة لكنها غير تامة ، ما يتفق مع الملاحظة التي تتضح من مقارنة متوسط الجيل الأول (F_I) (٧٤٢) وهو أكبر قليلاً من قيمة متوسط الأبوين MP - value وهو (٦٦٤.٥) . ومعرفه القيم D و A يمكننا حساب مكونات التباين المظهري للجيل الثاني :

$$\begin{array}{rcl} V_A & = & \frac{1}{2} A = 77.0 \\ V_D & = & D = 11.5 \\ V_E & = & E = 42.0 \\ \hline V_P & = & 130.5 \end{array}$$

والمثال السابق لم يأخذ في الاعتبار التباين الناتج من التداخل بين التراكيب الوراثية والبيئة genotype-environment interactions أو بين التداخلات اللا أليلية non-allelic interactions . ويمكن الرجوع إلى مثل هذه التفاصيل في مراجع الوراثة الكمية وخاصة مراجع ماذر Mather و هيمان Hayman وهالدين Haldane وكيمثورن Kempthorne . طريقة التباين لتقدير عدد الجينات المتحكم في صفة كمية :

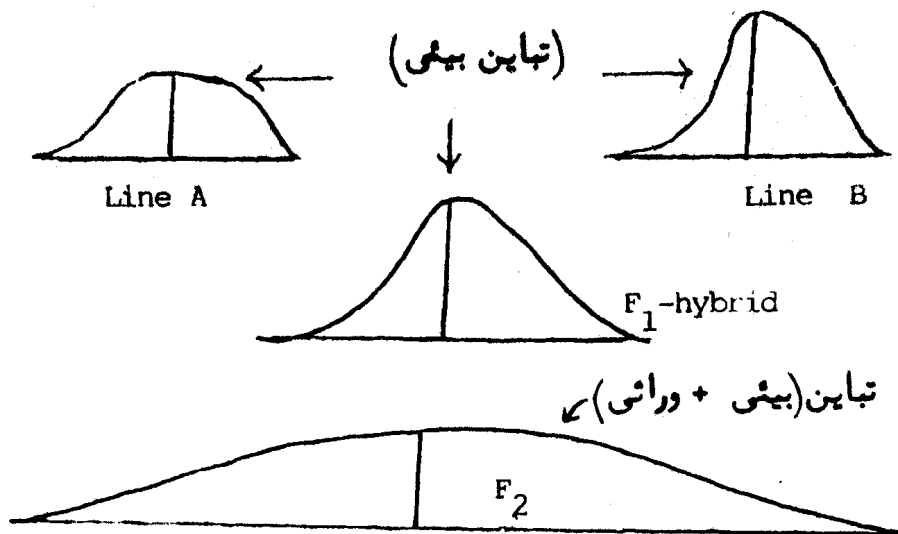
Variance method for estimating number of genes controlling a quantitative character :

تتطلب هذه الطريقة عدة شروط سوف نعرضها فيما بعد .

عشيرة ما ، على سبيل المثال ، سلالة line أو قطع breed أو صنف

variety ، سلالة نقية pure line أو تحت نوع subspecies

..... إلخ يتكون من عدد من الأفراد غالبا ما تكون متشابهة فسي تكونها الوراثي بالمقارنة بنوع ما species من الأنواع . ومن المعروف أن التباين المظهري عادة ما يظهر في مجموعة من الكائنات حتى لو كانت توائم صنية . وكل هذا التباين الموجود داخل السلالات النقية - من الواضح أنه ذو أصل بيئي . والتلقيحات بين سلالتين نقيتين تعطى جيلا F_1 يكون من الناحية الوراثية متماثلا في كل الأفراد الذين يتكون منهم هذا الجيل . ومن ثم فالتباين المظهري بين أفراد الجيل الأول F_1 غير وراثي ومن مصدر بيئي . وعندما يتكون الجيل الثاني F_2 فإن التوافق الجينية يعاد ترتيبها في توافق جديدة في أفراد الجيل الثاني . ويترتب على ذلك أن كمية التباين في الجيل الثاني تكون أكبر بكثير جدا من الجيل الأول الذي نشأ منه والتباين المظهري الكلي في الجيل الثاني يتكون من أصل بيئي وآخر وراثي .



وفى الصفات الكمية نجد أنّ متوسط الصفة فى عشائر الجيل الأول والجيل الثانى تميل لأن تكون وسطاً بين متوسطى العشيرتين الأبويتين . وإذا فرض عدم تغير فى الظروف البيئية من جيل للذى يليه ، عندئذ نجد أنّ التباين البيئى environmental variation فى الجيل الثانى يجب أن يكون تقريبا مائلا لتباين الجيل الأول . وفى هذه الحالة فالزيادة فى كمية التباين المظهرى الكلى فى الجيل الثانى تعزى فى هذه الحالة إلى أسباب وراثية .

وبناءً على ذلك فإنّ التباين الوراثى (σ_{GF2}^2) للجيل الثانى يساوى التباين الكلى للجيل الثانى (σ_{PF2}^2) مطروحا منه التباين المظهرى للجيل الأول (σ_{PF1}^2) كما يتضح من المعادلة التالية :

$$\sigma_{GF2}^2 - \sigma_{PF1}^2$$

ويمكن التعبير عن التباين الوراثى للجيل الثانى بالمعادلة التالية :

$$\sigma_{GF2}^2 = (a_2 N)$$

حيث a = مدى مساهمة كل الهل فعال

و N = عدد أزواج الجينات المتحركة فى الصفة الكمية تحت الدراسة .

يمكن تقدير قيمة a من المعادلة : $a = D / 2 N$

حيث D = الفرق بين متوسطى الأبوين .

وبإحلال هذه القيم لتقدير قيمة a نجد الاتى :

$$\sigma_{PF2}^2 - \sigma_{PF1}^2 = \sigma_{GF2}^2 = a^2 N / 2 = D^2 / 8 N$$

ومنها نجد أنَّ :

$$N = \frac{D^2}{8(\sigma_{PF_2}^2 - \sigma_{PF_1}^2)}$$

والمعادلة السابقة من البساطة بمكان ، حيث يُفترض لا مكان تطبيقها
الشروط التالية :

- ١ - أنَّ تساهم كل الجينات بطريقة تراكمية ويُقِيم متساوية في مظهر الصفة .
 - ٢ - عدم وجود ارتباط بين الجينات .
 - ٣ - عدم وجود أثر للسيادة .
 - ٤ - عدم وجود تدخل بين الجينات المتحركة في الصفة .
- وبالرغم من ذلك فقد أمكن لعلماء الوراثة وضع معادلات أكثر تعقيداً
تأخذ في الاعتبار إمكانية الوصول لعدد الجينات المؤثرة في الصفة
الكمية تحت الشروط السابقة كلها أو بعضها .

طُرُزُ فعل الجين في الصفات الكمية : Types of Gene Action

قد تدخل الآليات مع بعضها بطرق متعددة لتكوين التباين في
تعبيراتها المظهرية والنماذج التالية قد تساعد في تفهّم النماذج
المختلفة لفعل الجين :

(١) في حالة غياب السيادة ، أي الجينات الإضافية التراكمية الأثر :
Additive gene action

هذا النوع من فعل الجين هو الطراز النموذجي كما يتضح من الرسم ،

حيث يفترض أن كل أليل A_1 لا يساهم بأي شيء في مظهر الصفة (أليل خامل inactive allele) ، بينما الأليل A_2 يساهم بوحدة قياسية واحدة في مظهر الصفة (أليل نشط active allele) :

مقياس scale 0 1 2

التركيب الوراثي $A_1 A_1$ $A_1 A_2$ $A_2 A_2$

(٢) في حالة السيادة الجزئية أو غير التامة يكون الخليط $A_1 A_2$ غالباً ذا قيمة أقل من الأصيل :

مقياس القيمة المظهرية 0 1 2

التركيب الوراثي $A_1 A_1$ $A_1 A_2$ $A_2 A_2$

(٣) في حالة السيادة التامة تنتج قيم مظهرية متطابقة بواسطة الخليط والأصيل :

مقياس القيمة المظهرية للصفة 0 1 2

التركيب الوراثي $A_1 A_1$ $A_1 A_2$ $A_1 A_2$ $A_2 A_2$

(٤) في حالة السيادة الفائقة Overdominance يكون الخليط أكثر قيمة من كل من التركيبين الوراثيين الأصيلين :

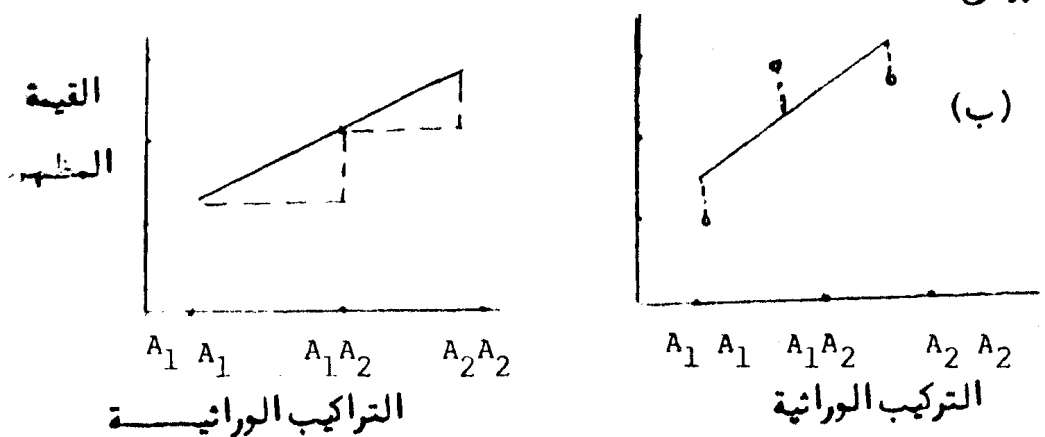
مقياس القيمة المظهرية للصفة 0 1 2 2.5

التركيب الوراثي $A_1 A_1$ $A_2 A_2$ $A_1 A_2$

ما سبق يلاحظ أنه لو كان التداخل الأليلي allelic interaction

ذات طبيعة إضافية كلية completely additive فإنه بتوزيع

قيم التراكيب وكما يتضح من الرسم البياني (أ) نجد أن قيمة ثابتة قدرها (1) تضاف لقيمة (مظهر) الصفة لكل أليل A_2 في التركيب الوراثي .



(أ) الأثر الإضافي للجين

Additive gene action

(ب) الأثر السيادة للجين

Dominance gene action

وحتى لو كانت السيادة التامة مؤثرة operative فإن جزءاً

من المكون الإضافي additive component مازال موجوداً (أنظر

الخط الكامل في الرسم البياني (ب)، والانحرافات عن النظام

الإضافي (التراكبي) additive system (الخطوط المتقطعة في

الشكل ب) والتي تعزى لمعدّل من هذه الجينات ذات السيادة الجزئية

أو التامة يمكن تقديرها من التجارب ذات التصميم المناسب . والمساهمات

الوراثية من مثل هذه التأثيرات تظهر ضمن المكون السيادة dominance

component للتباين (σ^2_D) .

وبطريقة أكثر تعقيدا نجد أنَّ الانحرافات عن النظام الإضافي يمكن بيان تواجدها نتيجة للتداخلات interactions بين فعل الجينات لمواقع وراثية مختلفة - وتسمى علاقات التفوق Epistasis أو التداخلات اللا أليية Non-allelic interactions

والمساهمة الناتجة من هذه العناصر الوراثية بالنسبة للتباين الوراثي الكلي total genetic variance يمكن تجزئتها إلى ما يسمى بالمكون التفاعلي (σ^2_{OI}) Epistatic or interaction variance ، ومجموع تأثيرات الجين الإضافية الناتجة بواسطة الجينات عديدة السيادة (الجينات الإضافية additive genes) وبواسطة التأثير الإضافي للجينات ذات السيادة أو ذات التأثير التفاعلي تظهر ضمن المكون الإضافي للتباين الوراثي. additive component of genetic var. ما سبق يمكن تجزئة التباين الوراثي الكلي إلى ٣ أجزاء طبقا للمعادلة التالية :

$$\sigma^2_G = \sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_I$$

التباين الوراثي الكلي = التباين الإضافي + التباين السيادة + التباين التداخلي
كما سبق أن أوضحنا .
الفعل الإضافي والفعل المتضاعف للجين :

يُعطي الفعل الإضافي للجين متتالية عددية arithmetic series من القيم المظهرية للصفة مثل ٢ ٤ ٦ ٨ ١٠ ١٢ الخ وهذه تمثل مساهمات ل ١ ٢ ٣ ٤ ٥ ٦ الخ من الآليات الفعالة على التوالي

صميل فعل الجين الإضافي لتكوين توزيع تكرارى طبيعى للفئات المظهرية

للصفة normal phenotypic distribution ذات متوسط mean

للجيل الأول F_1 يكون وسطا بين متوسطى العشيرتين الأبويتين .

وبالرغم من ذلك فليست كل الجينات تؤثر بطريقة إضافية فتوجد بعض

الجينات يكون فعلها متضاعفا Multiplicative مكونة بذلك

متتالية هندسية geometric series مثل ١٦ ، ٨ ، ٤ ، ٢

..... الخ تمثل مسا هيئات ١ ، ٢ ، ٣ ، ٤ ، الخ

من الآليات الفعالة على التوالى .

والصفات الكمية المحكومة بتأثيرات جينات متضاعفة تميل لتكوين توزيعات

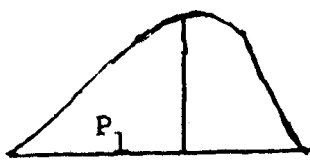
تكرارية منحرّفة skewed غير متناسقة asymmetrical كما يتضح

من منحنى الجيل الثانى F_2 فى الشكل التالى . وتكون متوسطات الجيل

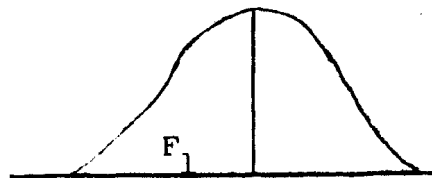
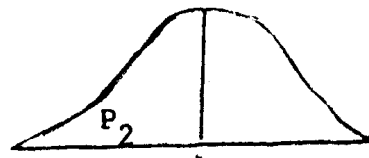
الأول F_1 والجيل الثانى F_2 أقرب لمتوسط أحد الأبوين - وذلك

لأن المتوسط الهندسى geometric mean لعدددين هو الجذر التربيعسى

لناتج ضربهما .

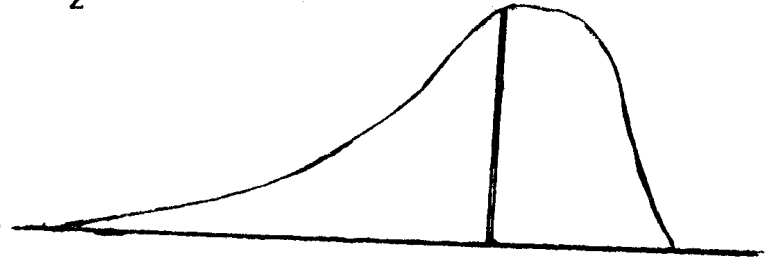


Homozygous
lines



جيل أول متماثل وراثيا

عشيرة جيل ثانى منعزلة
segregating F_2



شكل (٦-٢) : رسم يبين فعل الجين المتضاعف
Multiplicative gene action.

أمثلة :

(١) المتوسط الهندسى للقيم ٨٠٢ فى المتوالية الهندسية ٨٠٢ ٤٠ ٢
والتي تتزايد بمعامل تضاعف قدره ٢ هو $\sqrt{8 \times 2} = 4$ بينما
المتوسط الحسابى للقيم ٨٠٢ $= \frac{8+2}{2} = 5$.

(ب) المتوسط الهندسى للقيم ١٢ و ٢٧ هو $\sqrt{12 \times 27} = 18$ وهذا
يكون متوالية هندسية ١٢ ١٨ ٢٧ ٠٠٠٠ إلخ تتزايد بمعامل
تضاعف قدره ٥.٠ - بينما المتوسط الحسابى للقيم ١٢ و ٢٧ هو
 $\frac{(12 + 27)}{2} = 19.5$.

فإذا كان لدينا توزيع تكرارى منحرف skewed distribution لصفة
كمية فى عشيرة انعزالية (مثلا F_2) - وأمكن تحويل هذا التوزيع إلى توزيع
طبيعى بمقياس لوغاريتمى log. scale فان ذلك يعتبر دليلا على

الباب السابع

المكافئ الوراثي وطرق الانتخاب للصفات الكمية

Heritability and Methods of Selection for Quantitative Characters

مقدمة :

يعتبر المكافئ الوراثي لأي صفة كمية metric trait من أهم خصائص هذه الصفة . فهو يعبر عن النسبة من التباين الكلي للصفة الذي يُعزى لمتوسط تأثير الجينات عليها ، وهذا هو الذي يحدد درجة التشابه بين الأقارب resemblance between relatives ، لكن ترجع أهمية المكافئ الوراثي للصفات الكمية إلى دوره في التنبؤ بأهمية القيمة المظهرية للصفة phenotypic value كدليل على قيمتها التربوية Breeding value . ومن المعروف أنّ القيم المظهرية لصفات الأفراد هي التي يمكن قياسها مباشرة ، لكن القيم التربوية هي التي تحدد تأثير هؤلاء الأفراد في الجيل التالي . لذلك إذا اختار المربي أو الباحث أفراداً لتكون آباءً طبقاً لقيمها المظهرية ، فإنّ نجاحه في تغيير خصائص العشيرة يمكن التنبؤ به فقط من خلال معرفة درجة التوافق بين القيم المظهرية والقيم التربوية . وتقاس درجة التوافق هذه بالمكافئ الوراثي (h^2) Heritability كما يتضح من الاعتبارات التالية .

تعريف المكافئ الوراثي : Heritability

يُرمز عادةً للمكافئ الوراثي بالرمز (h^2) ولا يعني ذلك مربعه .

وقد وضع هذا الرمز سيوال رايت Sewal Wright عام ١٩٢١ ، حيث h^2 تعنى النسبة المتقابلة لـ انحرفات القياسية للصفة . ويوجد تعريفان للمكافئ الوراثى هما :

١ - المكافئ الوراثى العام Broad heritability : وهو الجزء

من التباين المظهرى الكلى الذى يعزى لتأثير الجينات الكلى (تراكمى سيادى - تداخلى) ، ويعبر عنه بالمعادلة التالية :

$$h^2_B = \frac{V_G}{V_P} = \frac{V_A + V_D + V_I}{V_P}$$

كسبة مئوية أو فى صورة كسر عشرى من الواحد الصحيح . أو تكون قيمة هذا المكافئ ١٠٠ % (أو واحد صحيح) فى حالة عدم وجود أى تباين بيئى . وكلما زادت قيمة التباين البيئى تقل قيمة المكافئ الوراثى حتى تنعدم وتصبح القيمة صفراً عندما لا يوجد أى تباين وراثى .

٢ - المكافئ الوراثى المحدود Narrow heritability : وهو

الجزء من التباين الوراثى الذى يعزى لتأثير الجينات التراكى additive - نسبة إلى التباين الكلى للصفة ، ويعبر عنه بالمعادلة التالية

$$h^2_N = V_A / V_P$$

ولما كان التحسين الوراثى للصفات الكمية عن طريق الانتخاب هو الهدف الأساسى لكل من تربية الحيوان وتربية النبات ، فإن الانتخاب

الموتر effective selection للأفراد المتفوقة وراثيا يتطلب
شرطين هامين :

١ - توفر أكبر كمية مناسبة من التباين الوراثي وأقل كمية ممكنة من التباين
البيئي للصفة .

٢ - أن تكون قيمة المكافئ الوراثي (h^2) للصفة وبالذات المكافئ
الوراثي المحدود (h^2_N) مرتفعة نسبيا .

وبالنسبة لمرعى النباتات والحيوانات تتشبه قيم المكافئ الوراثي أهمية
خاصة لأنها تشير إلى أن الآباء المنتخبين والحاملين لصفات قياسية معينة
سوف يعطون نسلا من نفس الفينوتايب . ومن ثم فالتنبؤ بالتحسين الانتخابي
يعتمد بدرجة كبيرة على التقييم الدقيق للمكافئ الوراثي للصفة . وكما يتضح
من الجدول (٧-١) ، قد تختلف قيم المكافئات الوراثية للصفات المختلفة
في نفس الكائن وأيضا لنفس الصفة في كائنات مختلفة (وحتى لنفس الصفة
في عشار مختلفة لنفس الكائن) .

جدول (٧-٢) يبين عن تقديرات المكافئ الوراثي (كنسبة مئوية)
لبعض الصفات المختلفة في مجموعة من عشار الكائنات الحية .

النوع والصفة المكافئ الوراثي (%)

الابقار : Cattle	
١٩	الوزن عند الولادة (أنجس Angus)
٣٥	طول فترة الحمل (" ")
٤٣	كمية إنتاج اللبن (إيرشاير Ayrshire)
٣	معدل الحمل (هولشتين Holstein)
٩٥	التفقم الأبيض (الفريزيان Friesian)

تابع جدول (١-٢) :

النوع والصفة	المكافئ الوراثي (%)
<u>الغنم</u> : Sheep	
الوزن عند الولادة (شروب شاير Shropshire)	٣٣
وزن الصوف النقي (المرينو عمر ٢٢ شهرا Merrino)	٤٧
طول وبر الصوف (رامبوايه ١٤ شهرا Rambouillet)	٣٦
تعدد الحمل (شروب شاير Shropshire)	٤
<u>الدجاج</u> : Fowel	
وزن الجسم (البلايموث روك ٨ أسابيع)	٣١
انتاج البيض (لوجهورن أبيض)	٢١
وزن البيضة (" ")	٦٠
القابلية للنفس Hatchability	١٦
<u>الفئران</u> : Mice	
طول الذيل (٦ أسابيع)	٤٠
وزن الجسم (٦ أسابيع)	٣٥
<u>الدروسوفلا ميلا نوجاستر</u> : <i>D. melanogaster</i>	
عدد الشعرات البطنية	٥٢
طول القفص الصدري	٤٧
طول الجناح	٤٥
انتاج البيض	١٨

طرق تقدير المكافئ الوراثي Methods of Estimating Heritability

يمكن تقدير المكافئ الوراثي لصفة كمية ما بعدة طرق نوجزها فيما يلي :

أولا : يمكن بطريقة سهلة حساب قيمة المكافئ الوراثي (h^2)

من قيم مكونات التباين المتحصل عليها من الجيل الثاني :

$$h^2_B = \frac{\frac{1}{2}A + \frac{1}{4}D}{V_{F_2}} \quad , \quad h^2_N = \frac{\frac{1}{2}A}{V_{F_2}}$$

ثانيا : من التشابه الوراثي بين الأقارب :

لو كانت القيم المظهرية لنسل ما دائما وسطاً intermediate تماما بين قيم الأبوين ، بغض النظر عن الظروف البيئية ، عندئذ فمثل هذه الصفات الكمية يكون لها مكافئ وراثي محدود (h^2_N) قيمته واحداً . ومن ناحية أخرى ، لو كانت القيم المظهرية للأب (أو القيم المظهرية للأفراد ذوي القرى الكبيرة close relatives) لا يمكن استعمالها للتنبؤ (بأي درجة من الدقة) بالقيم المظهرية للنسل (أو الأقارب الأخرى) عندئذ مثل هذه الصفات الكمية — يكون لها مكافئات وراثية منخفضة جدا (قد تصل إلى الصفر) .

١ — تقدير المكافئ الوراثي من تحليل الانحدار : (Regression)

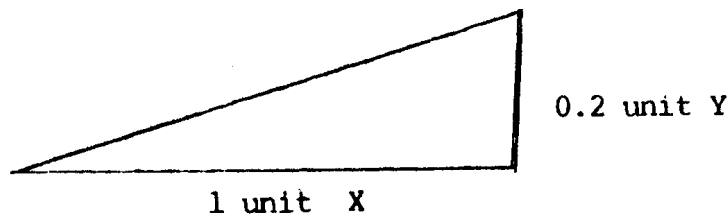
معامل الانحدار (b) Regression coefficient هو اصطلاح يعبر عن كمية التغير (في المتوسط) لتغير ما وليكن (y) المتوقعة

لكل وحدة تغير في متغير آخر وليكن (x) ومن الناحية الاحصائية يمكن حساب معامل الانحدار (b) من المعادلة التالية :

$$b = \frac{\sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X})(Y_i - \bar{Y})}{\sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X})^2} = \frac{\sum XY - (\sum X \sum Y)/n}{\sum X^2 - (\sum X)^2/n}$$

مثال : لو أنه لكل بيضة توضع بواسطة مجموعة من الدجاج (x)

كان متوسط الانتاج لانسالها من الاناث هو ٢ ر . عندئذ نجد
أن خط الانحدار Regression line لـ Y على X يكون له
انحدار كالآتي :



$$\therefore b = \frac{Y}{X} = \frac{0.2}{1.0} = 0.2$$

ومعادلة خط الانحدار regression line للمتغير Y على المتغير X

هي :

$$a = \hat{Y} - b\bar{X}$$

حيث a هي " Y - intercept " (وهي نقطة التقاء خط الانحدار على المحور Y) ، \bar{X} و \bar{Y} هي متوسطات المتغيرين . وأيضا يمكن لخط الانحدار أن يمر خلال النقطة \bar{X} و \bar{Y} . وعند تحديد كلتا

النقطتين فإنه يمكن رسم خط الانحدار . وبناءً على ذلك ، فإنَّ أيَّ قيمة لـ x يمكن أن تستعمل للتنبؤ بالقيمة المقابلة لها y ، فمثلاً القيمة \hat{y} (المتوقعة) = قيمة y من x ، عندئذ نجد أن :

(معادلة الخط المستقيم) $\hat{y} = a + bx$.

ولما كانت البنات daughters تأخذن فقط نصف جيناتها من كلٍّ من الأبوين - عندئذ نجد أن انحدار البنت على الأم (وهو ما يسمى daughter - dam regression) يقدر فقط بـ $\frac{1}{2}$ قيمة المكافئ الوراثي المحدود h^2 لصفة ما .

(مثلاً : إنتاج البيض في الدجاج) : لو كان تباين variance كل من العشيرتين (عشيرة البنات وعشيرة الأمهات) متساويان في القيمة $(s_x = s_y)$ عندئذ نجد أن :

$$h^2 = 2 b \text{ (daughter-dam)} \dots\dots\dots (1)$$

وبالمثل فإنَّ انحدار النسل على متوسط أبويه (mid-parent) هو أيضا تقدير للمكافئ الوراثي :

$$h^2 = b \text{ (offspring-midparent)} \dots\dots\dots (2)$$

وكذلك الأخوة الأفقاء (Full sibs) والذين لهم نفس الآباء يتوقع أن يشتركوا في التشابه في ٥٠% من جيناتهم ، والأخوة نصف الأشقاء half-sibs يشتركوا في التشابه في ٢٥% من جيناتهم ، لذلك

تقديرات المكافئ الوراثي تكون كالآتي :

$$h^2 = 2b_{\text{(full sibs)}} \dots (3)$$

$$h^2 = 4b_{\text{(half-sibs)}} \dots (4)$$

وبين الجدول (٧-٢) بعض الطرق المستخدم فيها التباين المشترك المظهري phenotypic covariance أو معامل الانحدار أو علاقة التلازم الوراثي genetic correlation لتقدير المكافئ الوراثي .

جدول (٧-١) : بعض طرق تقدير المكافئ الوراثي من قياسات التباين المشترك أو من قياسات التلازم .

Relatives	Covariance	Regression (b) or correlation (t)
Offspring and one parent	$\frac{1}{2} V_A$	$b = \frac{1}{2} h^2$
Offspring and midparent	$\frac{1}{2} V_A$	$b = h^2$
Half - sibs	$\frac{1}{4} V_A$	$t = \frac{1}{4} h^2$
Full sibs	$\frac{1}{4} V_A + \frac{1}{4} V_D + V_{Ec}$	$t \gg \frac{1}{4} h^2$

طرق الانتخاب للمصفات الكمية

Selection Methods For Quantitative Traits

يعمل الانتخاب الاصطناعي artificial selection عندما يحدد المرء أي الأفراد في العشيرة سوف يسمح لها بتكوين نسل (وأيضاً

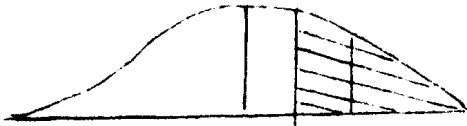
عدد هذا النسل) وبالمثل يسمح الانتخاب الطبيعي N.selection
بالتكاثر للأفراد ذوي الصفات المتوائمة مع البيئة السائدة في العشيرة .
وهناك طرق عديدة يجرى بها الانتخاب الاصطناعي .

١ - الانتخاب الجماعي : Mass Selection

لو كان المكافئ الوراثي heritability لصفة ما عالى القيمة
فإن معظم النباين المظهري phenotypic variability للصفة يعزى للمكون
الوراثي . ومن ثم فإن المرء يكون قادرا على أحداث تحسين في الصفة
بواسطة الانتخاب لمجموعة الأفراد المتفوقة مظهريا - وذلك لأن التلازم بين
النسل والاباء offspring - parent correlation يكون غالبا . وهذا
يسمى بالانتخاب الجماعي Mass Selection . ولكنه في الحقيقة
مبنى على أساس مظهر الأفراد . وكلما تناقصت قيمة المكافئ الوراثي
 h^2 لصفة ما كلما تناقص التحسن في القيمة الوراثية للسلالة المنتخبة .
وعليا نادرا ما يجرى الانتخاب على أساس صفة واحدة فقط . وعادة يرغب
المربون breeders في ممارسة الانتخاب على أساس عدة خصائص
في آن واحد . وبالرغم من ذلك فكلما كان الانتخاب لصفات أكثر كلما كان
" الضغط الانتخابي " Selection pressure " ، والذي يجرى على كل صفة
لوحدها أقل تأثيرا . ويجب أن يحدد الانتخاب لصفتين أو ثلاث صفات
يرى المرء أنها أكثر الصفات أهمية من الناحية الاقتصادية . ومن المحتمل
أن الأفراد المنتخبين لصفة ما (ولتكن A) ذات قيمة عالية ، سوف
يكونوا متوسطين أو ضعفاء لصفة أخرى (ولتكن B) ما لم تكن الصفتان

لهما معامل تلازم وراثى موجب ، بمعنى أن بعض الجينات التى تزيد من قيمة الصفة A تكون إيجابية المساهمة فى قيمة الصفة B . وبناءً على ذلك يجب على المربي أن يوائم بين الصفات المختلفة عند ممارسة الانتخاب .

والنموذج المستعمل لتوضيح الاستجابة الوراثية genetic gain للانتخاب عند ما يكون الأفراد المنتخبون لهم قيمة أعلى من الحد الأدنى لصفة واحدة - يجب أن يحوّر ليناسب الوضع الذى يُبنى عليه الانتخاب لصفتين أو أكثر ، كما يتضح من الرسم التالى :



(أ) الانتخاب على أساس صفة واحدة .
الجزء المظلل يمثل الأفراد
المنتخبين .



(ب) الانتخاب لنفس الصفة عند ما
يجرى على أساس أكثر من صفة .

وفى حالة انتخاب حيوانات التربية على أساس قيمة جماعية "Total merit" يُفضّل قصر قيم المظهر على الصفات الهامة والتى يعبّر عنها بقيمة واحدة تسمى " دليل الانتخاب Selection Index " . وقيمة الدليل نفسة لا معنى لها ، لكنه مهم فى مقارنة عدة أفراد على أساس نسبي . والطرق المستعملة فى تكوين دليل انتخابى متنوعة لكنها تأخذ فى الاعتبار - عادة - المكافئ الوراثى h^2 والقيمة الاقتصادية النسبية لكل صفة ، بالإضافة إلى التلازمات correlations الوراثية والمظهرية

بين الصفات . فدليل ما (I) لثلاث صفات قد يكون له المعادلة التالية :

$$I = aA' + bB' + cC'$$

حيث a و b و c هي معاملات تصحيح للمكافئ الوراثي النسبي وللأهمية الاقتصادية النسبية للصفات A و B و C على التوالي. و A' و B' و C' هي القيم العددية للصفات A و B و C مُعَبَّرًا عنها في صورة نموذجية . ويمكن حساب المتغير النموذجي لصفة ما (X')

من المعادلة التالية :

Standardized variable

$$X' = \frac{X - \bar{X}}{\sigma^2 X}$$

حيث X هي قيمة الصفة لفرد ما - \bar{X} متوسط قيمة الصفة على مستوى العشيرة، والرمز ($\sigma^2 X$) هو الانحراف القياس للصفة. وعند مقارنة صفات مختلفة - يواجه المرء بالحقيقة التي هي أن المتوسط mean والتباين لكل صفة مختلف عن الأخرى . كما أن معظم الصفات مختلفة في وحداتها القياسية .

مثال :

دليل انتخابي Selection index في الدجاج قد يستعمل الصفات التالية عند إجراء الانتخاب .

- إنتاج البيض Egg production (مُعَبَّرًا عنه بعدد البيض

في موسم وضع البيض) .

- مواسفات البيضة Egg quality (مُعَبَّرًا عنه بدرجات

البيض ٠٠٠ و C و B و A) .

- حجم البيضة Egg size (مُعَبَّرٌ عَنْهُ بِوزْنِ الْبَيْضَةِ) .
والمتغير القياسى (او النموذجى) Standardized variable هو
رقم مطلق a pure number (وهو مستقل عن وحدات القياس
المستعملة) ، مبنى على المتوسط والانحراف القياسى للصفة .
ومن ثم فإنّ أى تسجيل إنتاجى Production record لصفة ذات طبيعة
كمية يمكن أن يضاف إلى تسجيل صفة أو صفات كمية أخرى - لو عُيِّنَ
عنها فى صورة نموذجية وذلك لاستخراج معامل انتخابى Selection index
عند ممارسة الانتخاب الجماعى .

٢ - الانتخاب على مستوى العائلة : Family Selection

عندما يكون كل من المكافئ الوراثى العام والمكافئ الوراثى المحدود
لصفة ما منخفضين ، فإنّ التباين البيئى يكون عاليا بمقارنته بالتباين
الوراثى للصفة . ويكون الانتخاب للعائلة مفيداً جداً عندما تكون
المكافئات الوراثية للصفة منخفضة ، ويكون أفراد العائلة مشابهين
بعضهم لبعض وذلك بسبب قرابتهم الوراثية لبعضهم . وعادة يكون من
الأفضل - أولاً - تقليل التباين البيئى كلما أمكن وذلك بتغيير أساليب
المعاملات الزراعية والرعاية الحيوانية قبل الابتداء فى أى برنامج
للاختيار . وهناك طريقة أخرى لتقليل كمية التباين البيئى فى
العشيرة ، وهى الاحتفاظ بكل أفراد العائلات (النباتية أو الحيوانية)
والتي لديها متوسط قيم مظهرية أعلى ما يمكن - حتى وإن كان ضمن
أفراد هذه العائلات من لهم قيم مظهرية منخفضة نسبياً . ومن

الناحية العملية يمكن استعمال أكثر من طريقة للانتخاب في وقت واحد،
فمثلاً يمكن اختيار الـ ٥٠٪ الأعلى من العائلات التي تظهر أعلى
متوسطات كمية للصفة .

يمكن الانتخاب للعائلة أكثر فائدة عندما ما يكون لأفراد عائلة ما
متوسط قرابة وراثية عالٍ ولكن درجة تشابه منخفضة . فإذا كانت التريسة
الداخلية Inbreeding تزيد من القرابة الوراثية داخل عائلة ما
أكثر مما تزيد في درجة التشابه الوراثي فإن الاستجابة للانتخاب -select-
تكون أعلى نسبياً إذا أُعطِيَ بعض الاهتمام لمتوسطات
العائلات .

٣ - الانتخاب للنسب : Pedigree Selection

في هذه الطريقة يوجه الاهتمام إلى صفات الأسلاف
Ancestors ونادراً ما يُعطى وزن كبير لطريقة الانتخاب للنسب مثلما يعطى وزن
لصفات الفرد المنتخب إلا إذا كان للصفات المنتخب لها قيم مكافئات
وراثية high heritabilities عالية وأن صفات الآباء والأجداد
أفضل كثيراً من صفات الفرد المراد انتخابه . وتتوقف قيمة الانتخاب
للسب Pedigree Selection على عدة عوامل :

- ١ - شدة قرابة الفرد من النسل لأسلافه .
- ٢ - كم عدد الأسلاف وتوابعهم وما هي بيانات الصفة المتحصل عليها .

- ٣ - مدى معرفة المربي بصفات هو^١ لا^٢ الأسلان^٣ .
٤ - قيمة المكافئ^٤ الوراثي للصفات المراد الانتخاب لها .

٤ - طريقة اختبار النسل : Progeny Test

إختبار النسل هي طريقة لتقدير القيمة التربوية Breeding value لحيوان ما (أو فرد من أى نوع من الكائنات) وذلك من مظهر نسله . وأكثر استعمالات هذه الطريقة تنحصر فى حالة الصفات التى لها الخصائص التالية :

- أ - الصفات التى يمكن التعبير عنها فقط فى جنس واحد (مثلا تقدير الجينات المتحركة فى إنتاج اللبن التى يحملها عجل Bull ما) .
ب - الصفات التى لا يمكن تقديرها إلا بعد ذبح الحيوان (الصفات الهيكلية Carcass Traits) .

ج - الصفات ذات المكافئ^٥ الوراثي المنخفض نسبيا ، حيث يكون الانتخاب على مستوى الفرد Individual selection فرضة لعدم الدقة . ولا يمكن ممارسة الانتخاب بطريقة اختبار النسل إلا بعد الوصول إلى مرحلة النضج الجنسي Sexual maturity . ولكي يختبر النسل لذكور ما ه يجب أن يُلَقَّح هذا الذكور عدة إناث . ولو كانت النسبة فى قطيع ما هي النسبة ١ : ١ ه فمن الواضح أن كل ذكر فى القطيع

لا يمكن اختباره . ومن ثم فالذكور المراد اختبار نسلها يجب أن يكون قد تم انتخابها على أساس مواصفات أخوى من فترة حياتها الأولى . وكلما كان النسل الناتج من كل ذكر أكثر عددا كلما كان تقدير قيمته التربوية Breeding value أكثر دقة، ولكن ذلك ربما يكون سببا في قلة عدد الذكور المختبرة . وإذا أمكن زيادة عدد الحيوانات المختبرة كلما أمكن للمربي أن يتأكد من أنه يحتفظ بأحسن الأصول الوراثية للاستعمال الشامل في القطيع . وعلى المربي أن يوائم نفسه حسب إمكانياته .

والمعلومات المتحصل عليها من اختبار نسل ما يمكن استعمالها في حساب ما يسمى بـ " دليل الآباء المتساوي equal parent index " .
وأحيانا يسمى ذلك بدليل متوسط الأبوين Midparent index .
فلو فرضنا أنّ أحد أفراد النسل يتلقى نصف تركيبة الوراثي من كل من الأبوين وأنّ التأثيرات الموجبة والسالبة للأخطاء المندلية تلغى بعضها البعض في متوسط النسل والأمهات فعندئذ نجد أنّ :

$$\text{متوسط النسل} = \frac{\text{قيمة الأب}}{2} + \frac{\text{متوسط الأمهات}}{2}$$

$$\text{Sire} = 2 (\text{average of progeny}) - (\text{average of dams})$$

Mating Methods : طرق التزاوج :

عندما يتم اختيار الأفراد المنتخبين ، فإنه يمكن أن يتم تزواجهم

بـطرق عدة. والعملية المعروفة باسم " التربية Breeding " تشمل
الانتخاب المتميز والتزاوج الناجح للأفراد لغرض محدد . وفيما يلي طرق
التزاوج المعروفة .

أولا : التزاوج العشوائي : Random Mating (Panmixis) :

إذا لم يهتم المرء بضوابط عملية التزاوج بين الأفراد المنتخبة ،
فإنّ جامِطات هذه الأفراد — من المحتمل أن تتحد مع بعضها
بطريقة عشوائية وهذا هو الحال عادة في النباتات خلطية التلقيح
Outcrossing ، فالرياح والحشرات تحمل حبوب اللقاح من نبات
لآخر بطريقة عشوائية . وحتى في الحيوانات — كالغنم والأبقار — فإنّها
تتزاوج عشوائيا . فالذكور والإناث تتقابل وتتزاوج بدون ضوابط
أثناء الرعى وأثناء وجودها في الحظائر . وبناءً على ذلك فإنّ معظم
الطعام الذي نتاوله يوميا يأتي عن طريق التزاوج العشوائي
بين الحيوانات وبعضها والنباتات وبعضها ، لأنّ ذلك هو الطريقة
الاقتصادية، ومن المحتمل جدا أنّ هذه الطريقة هي مصدر أكبر كمية
من التباين الوراثي بين النسل .

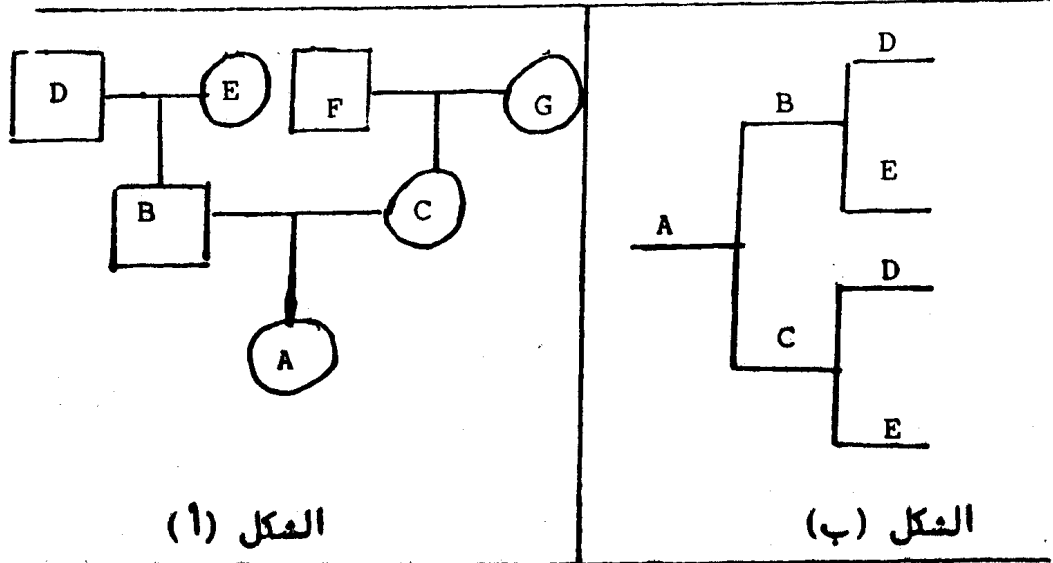
ثانيا : التزاوج المنظم الموجب : Positive Assortative Mating :

تشمل هذه الطريقة تزاوج الأفراد الأكثر تشابها — سواء كان ذلك
تعبّرها مظهريا أو وراثيا :

١ — التزاوج على أساس القرابة الوراثية :

يقصد بالتربية الداخلية (تربية الأقارب Inbreeding) أن يتم التزاوج بين الأفراد ذات القرابة الأشد أو متصلة النسب . ويمكن توضيح ذلك من الأشكال التالية :

الشكل (١) يبين نسلا خاليا من التربية الداخلية no inbreeding وذلك لعدم وجود خط قرابة مشترك من الفرد B إلى الفرد C حيث أن الأسلاف G, F, E, D : ancestors لا تربطهم أية قرابة .



أما في النسل المربى داخليا inbred pedigree كما في الشكل ب فإن الأفراد B و C لهما نفس الآباء ، ومن ثمّ فهم إخوة أمّقاء . ونفس شجرة النسب النموذجية كما في الشكل ب تظهر الآباء Sires على الخطوط العليا والأمهات Dams على الخطوط السفلى ، ومن ثمّ فسيان

C, B : full sibs

هو معامل القرابة " بين الأخوة الأشقاء "

$$\therefore R_{BC} = \frac{1}{4} + \frac{1}{4} = \frac{1}{2} \text{ or } 50 \%$$

وعندما تحدث الزيجات matings بين أفراد شديدة القرابة (تربية اقارب Inbreeding فإن الاثر الوراثي لذلك هو زيادة في درجة التأصل

homozygosity ويعتبر الاخطاب الذاتي self-fertilization

من أشد درجات تربية الاقارب أو التزاوج الذاتي Autogamy (فرد يدخل في تزاوج مع نفسه) والذي يحدث في البراسيوم (أنظر المراجع) هو أشد درجات تربية الاقارب حيث تتحول الأفراد الخليطة (Aa) إلى أفراد أصيلة AA و aa في خلال جيل واحد فقط .

والجدول التالي يبين التزايد في نسبة التأصل الوراثي homozygosity

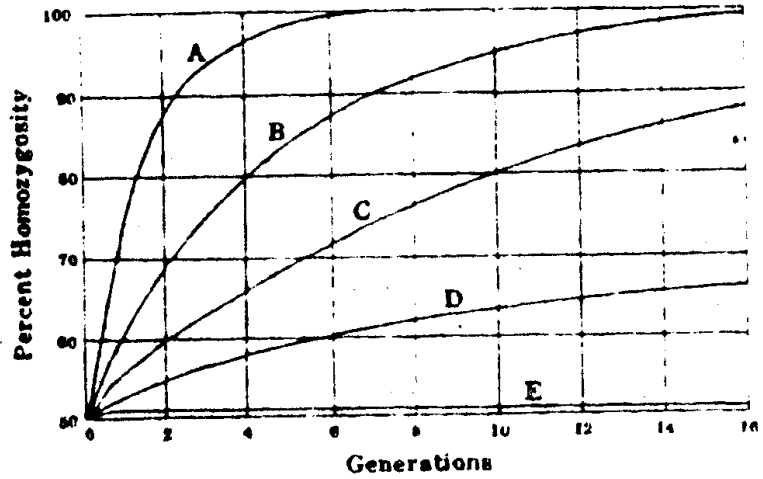
تحت ظروف الاخصاب الذاتي .

فلو بدأنا بعشيرة a population قوامها ١٠٠ فرد خليطة التركيب الوراثي (Aa) فإن الاعداد المتوقعة من التراكيب الوراثية الاصلية سوف تتزايد بنسبة ٥٠ % نتيجة الاخصاب الذاتي في كل جيل من أجيال هذا الطراز من التزاوج .

Expected Increase in Homozygosity Due to Selfing					
Generation	Genotypes			Percent Heterozygosity	Percent Homozygosity
	<u>AA</u>	<u>Aa</u>	<u>aa</u>		
0		100		100	0
1	25	50	25	50	50
2	25	12.5	25	25	75
3	37.5	6.25	12.5	12.5	87.5
4	43.75	3.125	6.25	6.25	93.75
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮

وتمطى نماذج تربية الأقارب الأقل شدة - درجات أقل من سرعة الوصول إلى التآصل الوراثى ، كما يتضح من الشكل التالى :

- A= إخصاب ذاتى
B= أخوة أشقاء
C= أبناء عمومة وختولة
D= أبناء عمومة أو ختولة
E= أبناء عمومة من الدرجة الثانية



Increase in percentage of homozygosity under various systems of inbreeding. (A) self fertilization, (B) full sibs, (C) double first cousins (D) single first cousins, (E) second cousins.

وكما زادت درجة التآصل الوراثى فى عشيرة ما ، نتيجة إما للتربية الداخلية inbreeding أو لانتخاب selection فإن التباين الوراثى داخل العشيرة يتناقص . ولما كان المكافىء الوراثى h^2 يعتمد على الكميات النسبية للتباين الوراثى ، فإن قيمة هذا المكافىء سوف تتناقص بالتالى ، ويترتب على ذلك أن تصبح قيمة المكافىء الوراثى صفراً فى حالة السلالات النقية . وعندما يخفص حجم العشيرة population size إلى وحدة صغيرة منعزلة تحتوى على حوالى أقل من ٥٠ % من الأفراد . فإن التربية الداخلية سوف تؤدى إلى تزايد محسوس فى التماثل الوراثى . ويمكن قياس درجة التماثل الوراثى فى عشيرة باستخدام ما يسمى (بمعامل التربية الداخلية Coefficient of Inbreeding) والسدى

يرمز له بـ F .

ومن خلال هذا المعامل يمكن قياس تأثير التربية الداخلية على

مستويين :

(أ) على مستوى الفرد ، يبين معامل التربية الداخلية احتمال كون الأليلين الموجودين على أي موقع وراثي - متطابقين بالنسب identical by descent بمعنى أنهما نواتج تناسخ الد ن أ DNA - Replication لجين كان موجودا في سلفهما المشترك .

(ب) على مستوى العشيرة on a population level يبين معامل التربية الداخلية النسبة المئوية لجميع المواقع الوراثية التي كانت خليطة في العشيرة الأساسية Base population والتي أصبحت الآن أصيلة نتيجة لتأثير التربية الداخلية . والعشيرة الأساسية هي النقطة في تاريخ العشيرة والتي من عندها نبتنى أن نبدأ في حساب تأثيرات التربية الداخلية . ومن المحتمل أن كثيرا من المواقع الوراثية يكون أصيلا عندما تؤسس عشيرتنا الأساسية . وبناءً على ذلك فإن معامل التربية الداخلية يقيس الزيادة الإضافية في التآصل الوراثي نتيجة التزاوج بين الأفراد متصلة النسب . ويمكن تقدير معامل التربية الداخلية (F) الفرد ما في نسل ما بطرق عديدة متعائلة ، نوجزها فيما يلي :

(١) لو كان السلف المشترك common ancestor غير مربّى

داخليا ، فإن معامل التربية الداخلية لفرد ما (F_x) يكون $\frac{1}{4}$

قيمة معامل القرابة بين الأب sire والام dam (R_{SD}) .

$$F_x = \frac{1}{2} R_{SD} \quad \dots\dots\dots (1)$$

(٢) لو كانت جميع الأسلاف المشتركة غير مربية داخلية ، فإن معامل التربية الداخلية (F) يمكن حسابة من المعادلة التالية :

$$F_x = \sum \left(\frac{1}{2} \right)^{P_1 + P_2 + 1} \quad \dots\dots\dots (2)$$

حيث عدد الاجيال (الأسهم) من أحد الابوين رُجوعاً إلى السلف المشترك
• common ancestor

و P_2 = عدد الاجيال (الأسهم) من الاب الآخر رجوعاً إلى نفس السلف المشترك .

(٣) لو كانت الأسلاف المشتركة مربية داخلية (F_A) فإن معامل التربية الداخلية للفرد يجب أن يصحح لهذا المعامل :

$$F_x = \sum \left[\left(\frac{1}{2} \right)^{P_1 + P_2 + 1} (1 + F_A) \right] \quad \dots\dots\dots (3)$$

(٤) وبصورة عامة يمكن حساب معامل التربية الداخلية - وذلك بإحصاء عدد الأسهم (n) التي تربط الفرد من خلال أحد الاباء رُجوعاً إلى السلف المشترك ورجوعاً مرة أخرى لآبيه ولائبيها الآخر ، تم تطبيق المعادلة

العامه التاليه :

$$F_x = \sum \left(\frac{1}{2} \right)^n (1 + F_A) \dots\dots (4)$$

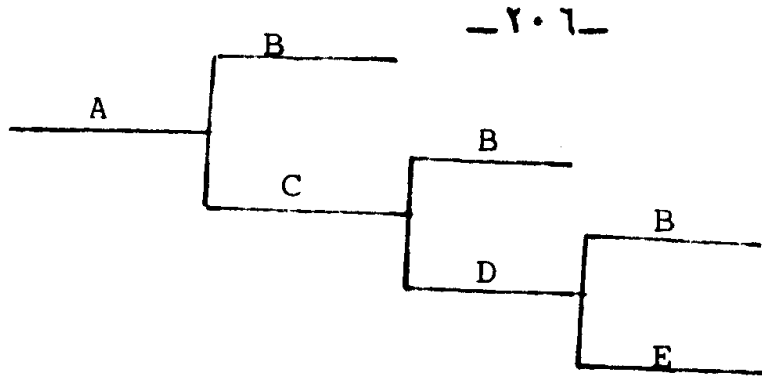
والجدول التالي يساعد في حساب معامل التربية الداخليه

n	1	2	3	4	5	6	
$\left(\frac{1}{2} \right)^n$	0.5000	0.2500	0.1250	0.0625	0.0312	0.0156	...

التربية الداخليه للسلا لة : Line breeding

التربية داخل السلا لة هي طراز خاص من التربية الداخليه يستعمل بفرض الاحتفاظ بدرجة عاليه من القرابة الوراثية الآتية من سلف مرغوب فيه .
والشكل التالي يبين نسلا به تربية عاليه من داخل السلا لة من خلال الاب
B ومن ثم فالفرد A يمتلك أكثر من ٥٠ % من جيناته آتية من
الاب B .

والفرد D به ٥٠ % من جينات B وهب ٢٥ % منها إلى
C . والفرد B يعطى أيضا ٥٠ % من جيناته لـ C .
وحيث أن C أيضا يحتوى على ٥٠ % + ٢٥ % = ٧٥ % من جينات B
فانه يعطى نصفها (٣٧,٥ %) إلى A .
ويعطى B أيضا ٥٠ % من جيناته لـ A ، ومن ثم فإن A به
٥٠ % + ٣٧,٥ % = ٨٧,٥ % من جينات B .



شك يوضح التربية داخل السلالة Close line breeding

(ب) التزاوج على أساس التشابه المظهري :

التزاوج المنظم الموجب والمبنى على أساس التشابه المظهري

positive phenotypic assortative mating

نادرا ما يجرى بطريقة مطلقة بين الأفراد المنتخبين . وبالرغم من ذلك فانه قد يستعمل بالاشتراك مع التزاوج العشوائي - حيث تُهَجَّس بعض الأفراد القليلة من الأفراد المنتخبة صناعيا مع بعضها بحيث تكون مثل هذه الأفراد بينها درجة من التشابه المظهري ، وذلك بهدف الحصول على حيوانات ذات مظهر معين لعرضها في المعارض الدولية . أما بقية أفراد القطيع فتترك لتتزاوج عشوائيا فيما بينها لانتاج أفراد من القطيع ذات أهمية تجارية بحتة .

ثالثا : التزاوج المنظم السالب : Negative Assortative Mating

١ - التزاوج على أساس القرابة الوراثية :

عندما يشمل التزاوج أفراد أبعية درجة القرابة عن متوسط الأفراد

المنتخبة ، فيسمى هذا النوع من التزاوج بالمنظم السالب . وقد يشمل هذا تلقيح أفراد تنتمى لعائلات مختلفة أو تهجين أصناف مختلفة مرباة داخليا من النباتات أو تهجين قطعان مختلفة من الماشية وأحيانا قد يشمل تهجين أنواع شديدة من القرابة مثل الحصان والحمار لإنتاج البغال. والهدف المعتاد لمثل هذه التهجينات الخلطة • "outcrosses" هي محاولة لإنتاج نسل يتفوق مظهريا (وليس بالضرورة في القيمة التربوية) على العشائر الأبوية .

ومن المعروف أن كثيرا من الجينات المتتحدة تبقى مخبأة في حالة خلطة وراثيا في العشائر غير المرباة داخليا — ولكن لما كانت درجة التأصل الوراثي genetic homozygosity تتزايد في العشائر المرباة داخليا ، فإنه يوجد احتمال قوى لأن تظهر الصفات المتتحدة — ومعظمها ذو تأثير سيئ . وأحد نتائج التربية الداخلية هو ضعف المظهر (أقل إنتاجية من الناحية الخضرية والتكاثرية) الذي يصاحب عادة التأصل الوراثي ، ويسمى ذلك بوهن التربية الداخلية "Inbreeding depression". والتزايد في درجة المواءمة Fitness " المصاحب لحالة الخلط الوراثي يطلق عليه اسم " قوة الهجين Heterosis ". وما زال الأساس الوراثي لقوة الهجين محل جدال بين علماء الوراثة إلا أنه يتركز حول نظريتين هما :

١ — نظرية السيادة لقوة الهجين : Dominance Theory of Heterosis

في هذه النظرية يفترض أن قوة الهجين hybrid vigor تنتج من فعل وتداخل action and interaction جينات النمو والمواءمة السائدة .

ولتوضيح ذلك نفترض المثال الكمي التالي :

بافتراض وجود ٤ مواقع جينية تؤثر في صفة كمية ما ، وكل تركيب وراثي متنحى يساهم بوحدة واحدة في مظهر الصفة ، وكل تركيب وراثي سائد يساهم بوحدين في مظهر الصفة . فتلقح بين سلالتين مريتين داخلية highly inbred lines يمكنه أن يعطى هجيناً (F_1) متفوقاً على أيٍّ من الأبوين :

الأب : $AaBbCcDd$ x $aaBBccDD$

القيمة المظهرية : $2+1+2+1 = 6$ $1+2+1+2 = 6$ units

F_1 : $AaBbCcDd$
 $2+2+2+2 = 8$

إلا أنّ الفشل في تثبيت قوة الهجين حتى الآن هو الاعتراض الوحيد ضد هذه النظرية .

٢ - نظرية السيادة الفائقة لقوة الهجين : Overdominance Theory of Heterosis

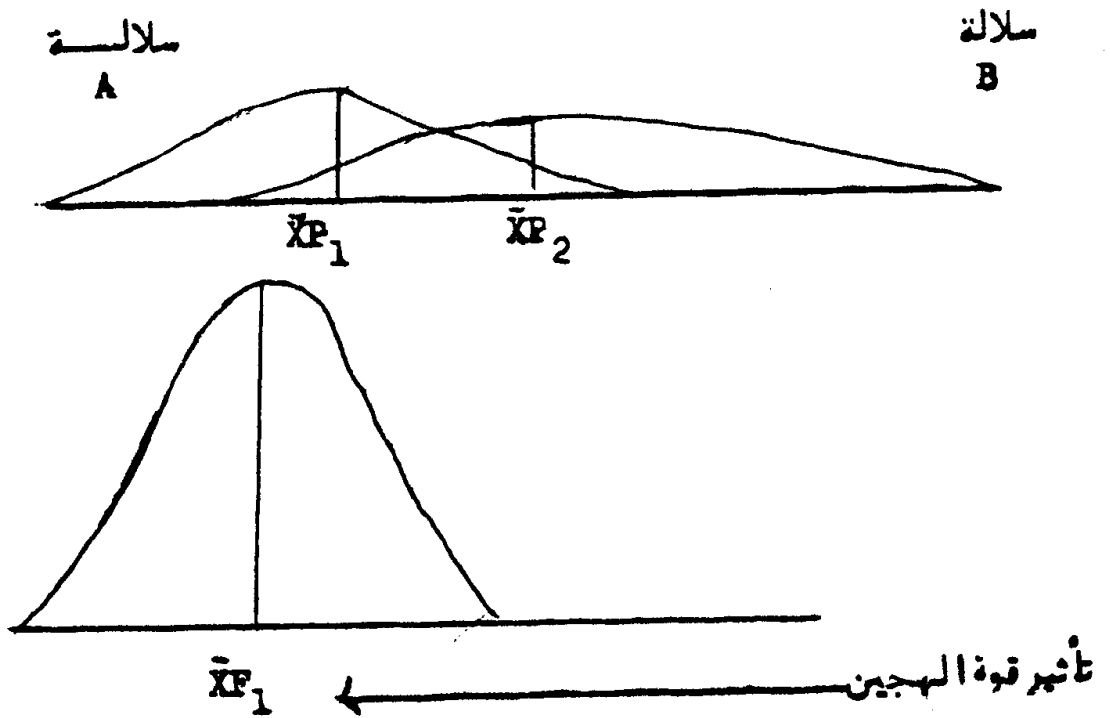
في هذه النظرية يفترض أنّ حالة الخلط الوراثي heterozygosity هي المسئولة مباشرة عن ظهور قوة الهجين . ويمكن توضيح ذلك من المثال التالي : نفس المثال السابق فيما عدا أنّ الأصيل السائد يساهم بـ $\frac{1}{4}$ وحدة لكل موقع وراثي وأنّ الهجين لك موقع يساهم بـ ٢ وحدة

الأب : $aabbCCDD$ x $AABBccdd$

القيمة المظهرية : $1+1+1\frac{1}{2}+1\frac{1}{2} = 5$ $1\frac{1}{2}+1\frac{1}{2}+1+1 = 5$

$$F_1: \quad AaBbCcDd \\ 2+2+2+2 \quad = \quad 8$$

والتباين المظهري في الجيل الهجين عادة ما يكون أقل كثيرا من التباين المظهري للآباء. كما يتضح من الرسم البياني التالي :



وشير ذلك الى أنّ الهجين أقل تأثرا بالتأثيرات البيئية عن الآباء الاضيلة. وستعمل علماء الوراثة لفظ " التنظيم " Buffering " لبيان أن نمو الكائن منظم تحت السيطرة الوراثية . وهناك مصطلح آخر يستعمل وهو المواءمة " Homeostasis " ، وهذا يعني استمرارية الثبات أثناء النمو وأيضا الثبات الفسيولوجي للكائن أثناء تعرضه لتذبذبات بيئية واسعة المدى .

ويمكن تقدير قوة الهجين كيا بطريقة تقريبية حيث أن تأثير قوة الهجين (H) heterotic effect يمكن حسابه - وهو عبارة عن متوسط الزيادة في مظهر الصفة للفرد الهجين F_1 فوق متوسط الأبوين :

$$H_{F_1} = XP_1 - \frac{1}{2} (XP_1 + XP_2)$$

ويمكن أن تستمر قوة الهجين في الأجيال الانعزالية (مثلا الجيل الثاني) ولكن قيمتها في عشيرة الجيل الثاني تساوى نصف قيمتها في الجيل الأول F_1 ، وفي الجيل الثالث تساوى نصف قيمتها في الجيل الثاني وهكذا .

ب - التزاوج المنظم السالب على أساس عدم التشابة المظهرى :

عندما يفضل المربي المظهر الوسط للحيوان intermed. phenotype فإن ذلك يمكن الحصول عليه بتهجين حيوانات ذات أشكال مظهرية متضادة، فعلى سبيل المثال ، الأبقار متعددة الغرض يمكن أن تنتج بتهجين حيوان اللحم مع حيوان اللبن (Beef type x dairy type) ويترتب على ذلك أن النسل الناتج يعطى كمية متوسطة من اللبن وينتج لحما بكمية متوسطة لكن لا يتفوق على أى من الأبوين فى إحدى الصفتين .

مثال : أبقار البراهمان Brahman cattle لديها مناعة عالية للحرارة ومقاومة أكثر ضد بعض الحشرات عن قطعان الأبقار الأوروبية . لذلك

تهجن البراهمان مع الأوربية لانتاج هُجن بها الصفات المرغوبة لكلا الأبوين.

تمارين للتدريب:

١ - قطع من الأرانب البلجيكية له متوسط لوزن الجسم = ٣٦٠٠ جراماً ،
وقطيع أرانب السهيمالايا له متوسط لوزن الجسم = ١٨٧٥ جم . التهجين
بين هذين القطيعين يعطى هجيناً وسطاً بينهما بانحراف قياسي
قدرة ± ١٦٢ جراماً وبباين الجيل الثاني أكثر كما يتضح من الانحراف
القياسي SD وقدره ± ٢٣٠ جراماً .

أ - قَدِّر عدد أزواج الجينات المحتمل المؤثر في وزن جسم الأرانب .
ب - قَدِّر المتوسط الكمي الذي يساهم به كل أليل فعال .

$$\text{الحل (١)} \quad N = \frac{D^2}{8(\sigma^2_{PF_2} - \sigma^2_{PF_1})} = \frac{(3600 - 1875)^2}{8(230^2 - 162^2)} \\ = 13.95 \text{ or } 14 \text{ pairs}$$

ب) الفرق بين الأبوين = ٣٦٠٠ - ١٨٧٥ = ١٧٢٥ جراماً
هذا الفرق يعزى إلى ١٤ زوج من الجينات أي ٢٨ أليلاً نشطاً
∴ متوسط مساهمة كل أليل = ١٧٢٥ - ٢٨ = ٦١,٦١ جراماً .

٢ - إذا كانت التباينات المظهرية phenotypic variances لصفة
كمية ما في السلالتين النقيتين الأبويتين هي V_{P1} و V_{F2} وفي
الجيل الأول والجيل الثاني F_1 و F_2 لهما هي V_{F1} و V_{F2}

وفى التلقيح الرجعى ($F_1 \times P_1$) هو V_{B1} وفى التلقيح الرجعى
 ($F_1 \times P_2$) V_{B2} • بيّن كيف يمكن اشتقاق تقديرات كل من
 التباين الوراثى الاضافى (V_A) والتباين الوراثى السيادةى (V_D)
 والتباين البيئى (V_E) •

الحل : لَمَّا كان التباين المظهرى فى داخل كل من السلالتين النقيتين
 الاُبويتين (P_2, P_1) وكذلك داخل الجيل الاول (F_1)

يمضى كله الى التباين البيئى •

$$\therefore V_E = \frac{V_{P1} + V_{P2} + V_{F1}}{3}$$

$$\begin{aligned} V_{F2} - V_E &= \left(\frac{1}{2} A + \frac{1}{2} D + E \right) - E \dots\dots\dots (1) \\ &= \frac{1}{2} A + \frac{1}{2} D \end{aligned}$$

وبالمثل نجد أن :

$$\begin{aligned} (V_{B1} + V_{B2}) - 2 V_E &= \frac{1}{2} A + \frac{1}{2} D - 2E \dots\dots\dots (2) \\ &= \frac{1}{2} A + \frac{1}{2} D \end{aligned}$$

ومضرب المعادلة رقم (١) فى ٢ وطرح المعادلة الثانية منها ، فانه

يمكن تقدير قيمة : A

وباحلال القيمة $(\frac{1}{4} A)$ في المعادلة (١) يمكن تقدير قيمة :

$$\frac{1}{4} D = V_D$$

٣ - إذا كانت قيمة التباين الوراثي الكلي لوزن الجسم في عمر ١٨٠ يوما في عشيرة من الخنازير هو ٢٥٠ رطلا ، والتباين نتيجة التأثير السائد هو ٥٠ رطلا ، والتباين نتيجة التفوق epistasis هو ٢٠ رطلا والتباين البيئي هو ٣٥٠ رطلا ، احسب المكافئ الوراثي المحدود لهذه الصفة الكمية . $Narrow h^2$

الحل :

$$\sigma^2 P = \sigma^2 G + \sigma^2 E2 = 250 + 350 = 600$$

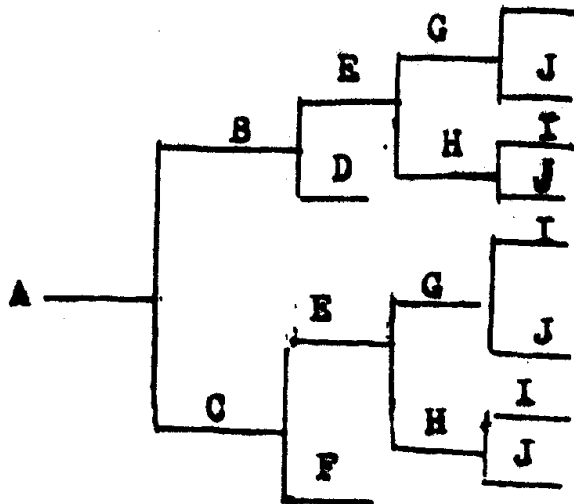
$$\sigma^2 G = \sigma^2 A + \sigma^2 D + \sigma^2 I ; 250 = \sigma^2 A + 50 + 20$$

$$\therefore \sigma^2 A = 180$$

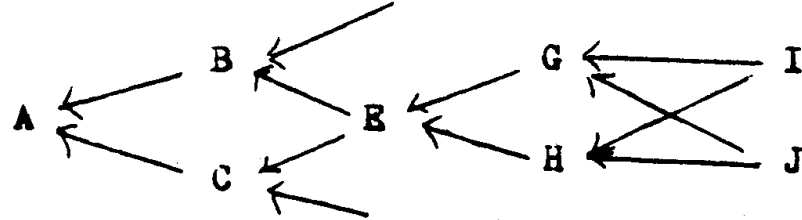
$$\therefore h^2(N) = \sigma^2 A / \sigma^2 P = 180 / 600 = 0.3$$

٤ - احسب معامل التربية الداخلية Inbreeding coefficient

للفرد A في النسل التالي :



الحل : أولا يجب أن نضع النسل في صورة مخطط بالأشهر كالآتي :



يوجد خط مرور pathway واحد من B الى C خلال السلف E
والسلف E بطبيعته مربي داخلية inbred .
لاحظ أن أباء E إخوة أشقاء حيث أن G و H أقرباء بنسبة
٥٠٪ وباستخدام المعادلة :

$$F_x = \frac{1}{2} R_{SD}$$

$$\therefore F_E = \frac{1}{2} R_{GH} = \frac{1}{2} (0.5) = 0.25$$

ومن ثم فإن معامل التربية الداخلية Inbreeding coef. يحسب من

$$F_A = \sum \left(\frac{1}{2} \right)^n (1 + F_{\text{anceator}}) \quad \text{المعادلة التالية}$$

$$= \left(\frac{1}{2} \right)^3 (1 + 0.25) = 0.156$$

حيث n هي عدد الأشهر التي تصل الفرد (A) من خلال أحد
الأبوين (B) رجوعاً للسلف المشترك (E) ثم رجوعاً مرة
أخرى للآب الثاني (C) .

* بعض المراجع المختارة *

Goodenough, Ursula (1984): Genetics 3rd edn. Holt -
Saunders, Japan.

Falconer , D.S. (1983): Introduction to Quantitat
ive Genetics, 2nd edn.
Longman , London and New York.

Mather, K. and Jinks, J.L. (1971): Biometrical Genetics
2nd edn. Chapman and Hall,
London.

Stansfield, W.D. (1986): Genetics, Theory and Problems
2nd edn. McGraw-Hill, Int.

Strickberger, M.W. (1986): Genetics 3rd edn.
Macmillan, New York.

PROF. DR. H. A. S. HUSSEIN
FAC. AGRIC. UNIV. CAIRO
GIZA - EGYPT

(تم بحمد من الله تعالى)

رقم الايداع :

حقوق الطبع والنشر محفوظة

رقم الايداع بدار الكتب: ١٩٩٠/٣٢٩٢

حقوق الطبع والنشر محفوظة للمؤلف